



Universidad Autónoma Chapingo

Departamento de Fitotecnia
Posgrado en Biotecnología Agrícola

VARIABILIDAD GENÉTICA
EN CULTIVARES DE GUAYABO (*Psidium guajava* L.)

TESIS

QUE COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE

MAESTRO EN CIENCIAS
EN BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA

PRESENTA:

ING. DEYSI TAPIA PÉREZ

Chapingo, Texcoco Edo. México, Septiembre 2006



DIRECCION GENERAL ACADEMICA
DEPTO. DE SERVICIOS ESCOLARES
OFICINA DE EXAMENES PROFESIONALES



**VARIABILIDAD GENÉTICA
EN CULTIVARES DE GUAYABO (*Psidium guajava* L.)**

Tesis realizada por Ing. **Deysi Tapia Pérez** bajo la dirección del Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS EN BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA

DIRECTOR: 
DR. JUAN PORFIRIO LEGARIA SOLANO

ASESOR: 
DRA. MARGARITA GISEILA PEÑA ORTEGA

ASESOR: 
DR. JOSE LUIS RODRIGUEZ DE LA O

ASESOR: 
DR. JOSE LUIS DOMINGUEZ ÁLVAREZ

AGRADECIMIENTO

A **DIOS** por regalarme el don de la vida y darme fuerza para seguir adelante en el cumplimiento de mis metas.

Al **Departamento de Fitotecnia de la Universidad Autónoma Chapingo** por darme la oportunidad de realizar la Maestría.

Al **Dr. Juan P. Legaria Solano, Dra. M. Gisela Peña Ortega, Dr. José Luis Rodríguez De La O** y al **Dr. José Luis Domínguez Álvarez** por formar parte de mi comité asesor y por su valiosa colaboración en la realización del presente trabajo.

Al **Dr. Cesar Luna Morales** por sus asesorías en el manejo de programas de cómputo.

A todos los profesores del Posgrado en Biotecnología Agrícola por colaborar en mi formación.

A la **M. C. María Elisa** y el **QFB. Ricardo** por su valioso apoyo dentro del Laboratorio de Biotecnología Agrícola de la Universidad Autónoma Chapingo.

Con respeto:

Deysi Tapia Pérez

DEDICATORIA

A mi esposo **Eduardo Pimentel Maldonado**, por su paciencia y apoyo incondicional para todo lo que emprendo y por ser el motor que impulsa mi vida... **¡Te amo!**

A mis Padres: **Guillermina Pérez Aguilar** y **Rafael Tapia Vitela**, por su amor, apoyo y comprensión brindados a lo largo de mi vida. Sobre todo por ser como son.

A mis Hermanas: **Diana, Mary** y **Guille**, por su cariño y por compartir cada uno de esos momentos especiales de familia.

A mis Tías: **Bertha** y **Martha**, por animarme a cursar la maestría y brindarme su apoyo en todo momento.

A mis Compañeros y Amigos: **Lydia** y **Guillermo**, por su amistad y por compartir alegrías y tristezas a lo largo de la maestría.

Con cariño y respeto:

Deysi Tapia Pérez

DATOS BIOGRÁFICOS

La autora del presente trabajo nació en el municipio de Zacapu, Michoacán, el 2 de junio de 1978. Realizó sus estudios en la escuela Primaria Rural “Francisco I Madero”, de Secundaria en la escuela “Melchor Ocampo” y de bachillerato en el C. B. T. A. No. 68 de Tiríndaro, Mich. En 1995 ingresó al Instituto Tecnológico Agropecuario No. 7 en Morelia Michoacán donde realizó sus estudios de licenciatura, en donde obtuvo el título de Ingeniero Agrónomo. Trabajó en el CINVESTAV-IPN, Unidad Irapuato como propagador de plántulas de fresa durante el periodo de febrero a diciembre del 2000. Durante los meses de diciembre 2001 a enero 2002 colaboró en el proyecto “Diagnóstico y estrategias para mejorar la medición del agua en los distritos de riego (D 0106)” en el Instituto Mexicano de Tecnología del Agua (IMTA) de Jiutepec, Morelos. De agosto de 2002 a febrero 2003 se desempeñó como administradora del invernadero Zirahuen, ubicado en Morelia, Michoacán. En el 2004 ingresó al Departamento de Fitotecnia de la Universidad Autónoma Chapingo, donde realizó estudios de Maestría en Ciencias en Biotecnología Agrícola.

ÍNDICE

	Pag.
RESUMEN	xi
I. INTRODUCCIÓN	1
1. 1. OBJETIVOS	3
1. 2. HIPÓTESIS	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA	4
2. 1. Origen	4
2. 2. Clasificación botánica y morfológica de <i>Psidium guajava</i> L.	4
2. 3. Propiedades nutritivas del fruto del guayabo	6
2. 4. Usos del guayabo	7
2. 5. Importancia del guayabo en México	8
2. 6. Variedades cultivadas y germoplasma de guayabo	8
2. 7. Caracterización morfológica en guayabo	9
2. 8. Marcadores moleculares de ADN	11
2. 8. 1. Marcadores moleculares RAPD	12
2. 9. Variabilidad genética de guayabo	13
III. MATERIALES Y MÉTODOS	15
3. 1. Material experimental	15
3. 2. Purificación del ADN	15
3. 3. Evaluación de la calidad y cantidad de ADN	17
3. 4. Obtención de los patrones RAPD	19
3. 5. Evaluación de los caracteres morfológicos	23
3. 6. Análisis estadístico	26
3. 6. 1. Patrones RAPD	26
3. 6. 2. Caracteres morfológicos	27
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	29
4. 1. Análisis RAPD	29
4. 2. Variables morfológicas	42
4. 2. 1. Componentes principales	42
4. 2. 2. Análisis de agrupamiento	47
4. 2. 3. Análisis discriminante canónico	49
4. 2. 4. Descripción de grupos	53
4. 3. Agrupamiento de genotipos por caracteres morfológicos	58
4. 4. Análisis de agrupamiento de caracteres morfológicos vs. moleculares	60
4. 5. Correlación, análisis de varianza y comparación de medias para las variables morfológicas analizadas	62
V. CONCLUSIONES	68
VI. LITERATURA CITADA	69
VII. ANEXO	73

ÍNDICE DE CUADROS

		Pag.
CUADRO 1.	Composición en 100 g de porción comestible del fruto de guayabo.	6
CUADRO 2.	Características diferenciales de varios marcadores moleculares.	13
CUADRO 3.	Reactivos utilizados en la preparación de los amortiguadores CTAB (al 4 %) y STE.	17
CUADRO 4.	Soluciones utilizadas para cargar y teñir geles de agarosa.	19
CUADRO 5.	Secuencias de iniciadores seleccionados para la obtención de los patrones RAPD en 17 genotipos de guayabo.	21
CUADRO 6.	Componentes de la mezcla de la Reacción en Cadena de la Taq ADN polimerasa (PCR), para la obtención de los patrones RAPD.	22
CUADRO 7.	Condiciones de temperatura de los ciclos de amplificación de la PCR (Reacción en Cadena de la Taq ADN Polimerasa), para la obtención de los patrones RAPD.	22
CUADRO 8.	Caracteres morfológicos cuantitativos evaluados en 15 genotipos de guayabo.	24
CUADRO 9.	Caracteres morfológicos cualitativos evaluados en 15 genotipos de guayabo según la lista de descriptores de la UPOV.	25
CUADRO 10.	Número de bandas amplificadas con los iniciadores de las series A y B de Operon® en 17 genotipos de guayabo.	31
CUADRO 11.	Coeficientes de similitud de Jaccard (debajo de la diagonal) y de distancia Nei72 (arriba de la diagonal) entre 17 genotipos de guayabo procedentes de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5), Morelos (MOR9 y MOR10), Chiapas (CHI11, CHI12A y CHI24), Veracruz (CVER12), Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), Michoacán (JROS22 y RMICH25), Zacatecas (CZAC21) y Brasil (PAL8, SASS15 y SASS16).	34
CUADRO 12.	Valores propios y porcentaje de variación explicada por los primeros 16 componentes principales, con base en los patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo.	38
CUADRO 13.	Vectores propios de cuatro componentes principales (CP) procedentes de patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo.	39
CUADRO 14.	Valores propios de 13 componentes principales, obtenidos a partir de 40 variables morfológicas.	43
CUADRO 15.	Vectores propios de 13 componentes principales (CP) y suma de coeficientes absolutos por variable.	45
CUADRO 16.	Valores propios de funciones discriminantes canónicas de siete grupos de genotipos de guayabo.	50
CUADRO 17.	Estructura canónica de variables discriminantes canónicas definidas a partir de siete grupos de genotipos de guayabo.	52

CUADRO 18.	Estructura canónica de variables discriminantes canónicas definidas a partir de genotipos de guayabo.	55
CUADRO 19.	Distancias estadísticas generalizadas al cuadrado entre centroides de grupos.	57
CUADRO 20.	Análisis univariado de las variables morfológicas utilizadas en el análisis discriminante canónico.	58
CUADRO 21.	Correlaciones entre las diez variables morfológicas seleccionadas para caracterizar 15 genotipos de guayabo.	65
CUADRO 22.	Análisis de varianza de las 10 variables seleccionadas en los 15 genotipos de guayabo.	66
CUADRO 23.	Comparación de medias con la prueba de Tukey de las variables morfológicas seleccionadas para caracterizar genotipos de guayabo.	67
CUADRO A1.	Vectores propios de 16 componentes principales (CP) procedentes de patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo.	73
CUADRO A2.	Coefficientes de correlación entre 40 variables morfológicas evaluadas en 15 genotipos de guayabo (<i>Psidium guajava</i> L.).	79

ÍNDICE DE FIGURAS

		Pag.
FIGURA 1.	Patrones de bandeo resultantes de la prueba de 20 iniciadores de la serie A de Operon®. Carriles: 1: A-01, 2: A-02, 3: A-03, 4: A-04, 5: A-05, 6: A-06, 7: A-07, 8: A-08, 9: A-09, 10: A-10, 11: A-11, 12: A-12, 13: A-13, 14: A-14, 15: A-15, 16: A-16, 17: A-17, 18: A-18, 19: A-19 y 20: A-20. M: marcador de peso molecular 1kb plus (Invitrogen®).	20
FIGURA 2.	Patrones de bandeo resultantes de la prueba de 10 iniciadores de la serie B de Operon®. Carriles: 1: B-01, 2: B-02, 3: B-03, 4: B-04, 5: B-05, 6: B-06, 7: B-07, 8: B-08, 9: B-09 y 10: B-10. M: marcador de peso molecular 1kb plus (Invitrogen®).	20
FIGURA 3.	Ejemplo de análisis con el programa IMAGE TOOL Ver. 3.0 (Wilcox <i>et al.</i> , 2002).	25
FIGURA 4.	Caracteres morfológicos cualitativos de guayabo de la lista de descriptores de la UPOV (Unión Internacional para la Protección de Nuevas Variedades de Plantas) (1987).	26
FIGURA 5.	Patrones de bandas RAPD obtenidos con los iniciadores A-02, A-18, B-09 y B-10 (A, B, C y D, respectivamente) de 17 genotipos de guayabo. Genotipos: 3: NAY3, 4: NAY4, 5: NAY5, 8: PAL8, 9: MOR9, 10: MOR10, 11: CHI11, 12: CVER12, 12A: CHI12A, 13: TAM13, 15: SASS15, 16: SASS16, 21: CZAC21, 22: JROS22, 24: CHI24, 25: RMICH25, 26: TTAM26. M: Marcador de peso molecular 1kb plus (Invitrogen®). B: Blanco.	30
FIGURA 6.	Dendrograma construido usando el coeficiente de similitud de Jaccard con los patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo procedentes de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5), Morelos (MOR9 y MOR10), Chiapas (CHI11, CHI12A y CHI24), Veracruz (CVER12), Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), Michoacán (JROS22 y RMICH25), Zacatecas (CZAC21) y Brasil (PAL8, SASS15 y SASS16).	32
FIGURA 7.	Dendrograma construido a partir de 1000 combinaciones de remuestreo obtenida mediante el coeficiente de similitud Jaccard de los productos RAPD de 17 genotipos de guayabo. Los números en las ramas indican el número de veces en porcentaje en que la topología de una rama particular se repite. Genotipos procedentes de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5), Morelos (MOR9 y MOR10), Chiapas (CHI11, CHI12A y CHI24), Veracruz (CVER12), Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), Michoacán (JROS22 y RMICH25), Zacatecas (CZAC21) y Brasil (PAL8, SASS15 y SASS16). La longitud de la línea indica 0.1 de la disimilitud.	33

FIGURA 8.	Diagrama de dispersión de 17 genotipos de guayabo con base en los dos primeros componentes principales del análisis de RAPD. Nayarit (N3: NAY3, N4: NAY4 y N5: NAY5), Morelos (M9: MOR9 y M10: MOR10), Chiapas (C11: CHI11, C12A: CHI12A y C24: CHI24), Veracruz (CV12: CVER12), Tamaulipas (T13: TAM13 y T26: TTAM26), Michoacán (JR22: JROS22 y RM25: RMICH25), Zacatecas (CZ21: CZAC21) y Brasil (P8: PAL8, S15: SASS15 y S16: SASS16).	37
FIGURA 9.	Dendrograma jerárquico de 15 genotipos de guayabo obtenido mediante el método de Ward. Donde: A: NAY3, B: NAY4, C: NAY5, D: PAL8, E: MOR9, F: MOR10, G: CHI12A, H: TAM13, I: SASS15, J: SASS16, K: CZAC21, L: JROS22, M: CHI24, N: RMICH25, P:TTAM26	47
FIGURA 10.	Conformación de grupos de acuerdo al Criterio Cúbico de Agrupamiento (CCC) del dendrograma de 15 genotipos de guayabo.	48
FIGURA 11.	Conformación de grupos de acuerdo a la Pseudoestadística T^2 de Hotelling (PST^2) del dendrograma de 15 genotipos de guayabo.	49
FIGURA 12.	Representación gráfica de variables discriminantes de 15 grupos de genotipos de guayabo. Donde: -, Grupo 1; —, Grupo 2; ▲, Grupo 3; X, Grupo 4; ж, Grupo 5; ◇, Grupo 6; +, Grupo 7; ■, Grupo 8; Δ, Grupo 9; ◆, Grupo 10; ●, Grupo 11; ▲, Grupo 12; □, Grupo 13; ○, Grupo 14; ▪, Grupo 15.	53
FIGURA 13.	Representación gráfica de variables discriminantes para medias de quince genotipos de guayabo. Donde: G3: NAY3, G4: NAY4, G5: NAY5, G8: PAL8, G9: MOR9, G10: MOR10, G12: CHI12A, G13: TAM13, G15: SASS15, G16: SASS16, G21: CZAC21, G22: JROS22, G24: CHI24, G25: RMICH25, G26: TTAM26.	56
FIGURA 14.	Dendrograma de 15 genotipos de guayabo a partir de caracteres morfológicos construido mediante el método de agrupamiento de Ward usando la R^2 semi-parcial calculada a partir de distancias euclidianas.	60
FIGURA 15.	Dendrograma construido mediante el método de agrupamiento de Ward usando la R^2 semi-parcial y a partir de la distancia de Nei72 generada por patrones de bandas RAPD obtenido para 15 genotipos de guayabo. Genotipos procedentes de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5), Morelos (MOR9 y MOR10), Chiapas (CHI12A y CHI24), Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), Michoacán (JROS22 y RMICH25), Zacatecas (CZAC21) y Brasil (PAL8, SASS15 y SASS16).	61

VARIABILIDAD GENÉTICA EN CULTIVARES DE GUAYABO (*Psidium guajava* L.)

Deysi Tapia-Pérez¹; Juan P. Legaria-Solano²

RESUMEN

Se evaluó la variabilidad genética y morfológica de 17 y 15 genotipos de guayabo (*Psidium guajava* L.) respectivamente, provenientes de los estados de Nayarit, Chiapas, Morelos, Zacatecas, Michoacán, Tamaulipas, Veracruz y del Brasil. Los genotipos se estudiaron mediante la obtención de patrones RAPD (Polimorfismos en el ADN Amplificados al Azar). De un total de 226 bandas evaluadas, el 84.07 % fueron polimórficas. El análisis de conglomerados de RAPD detectó una similitud genética máxima de 91.3 % entre los genotipos MOR9 y MOR10 procedentes de Morelos y una similitud mínima del 41 % entre los genotipos JROS22 y PAL8 de Michoacán y Brasil, respectivamente. El análisis de componentes principales (ACP) permitió corroborar los agrupamientos de genotipos obtenidos con el análisis de conglomerados. De las 40 variables morfológicas medidas, se seleccionaron diez variables: longitud de peciolo hoja chica (LPCH), longitud de peciolo hoja grande (LPGR), ángulo de la 3ª nervadura de hoja chica (A3NCH), ángulo de la 3ª nervadura de hoja grande (A3NGR), ángulo de la 5ª nervadura de hoja chica (A5NCH), ángulo de la 5ª nervadura de hoja grande (A5NGR), forma de hoja chica (FORCH), forma de hoja grande (FORGR), curvatura de la sección transversal de hoja chica (CUSTCH) y curvatura de la sección transversal de hoja grande (CUSTGR), que hacen una fuerte contribución a la variación de los genotipos. El análisis de componentes principales (ACP) para las 40 variables morfológicas indicó que son 13 CP los que explican el 81 % de la variabilidad de los datos. El dendrograma generado de los 15 genotipos de guayabo a partir de caracteres morfológicos construido con el método de agrupamiento de Ward y distancias euclidianas, indicó que son siete los grupos que se forman y que los genotipos tienden a agrupar con los de su mismo lugar de origen, lo que coincidió con los grupos del dendrograma construido según los patrones de bandedo tipo RAPD.

Palabras clave: *Psidium guajava* L., variabilidad genética, RAPD.

ABSTRACT

Genetic and morphological variability of 17 guava (*Psidium guajava* L.) genotypes from the Mexican States of Nayarit, Chiapas, Morelos, Zacatecas, Michoacán, Tamaulipas and Veracruz, plus Brazil were evaluated. The genotypes were studied by obtaining RAPD patterns (Randomly Amplified Polymorphic DNA). Of 226 bands evaluated, 84.07 % were polymorphic. The cluster analysis of RAPD detected a maximum genetic similarity of 91.3 % among the genotypes MOR9 and MOR10 from Morelos and a minimum similarity of 41 % between the genotypes JROS22 and PAL8 of Michoacán and Brazil, respectively. The cluster generated by Principal Components Analysis (PCA) agreed with those obtained from the conglomerate analysis. Of the 40 morphological variables measured ten of them were selected: small leaves petiole length (LPCH), big leaves petiole length (LPGR), small leaves angle of the 3rd nervature (A3NCH), big leaves angle of the 3rd nervature (A3NGR), small leaves angle of the 5th nervature (A5NCH), big leaves angle of the 5th nervature (A5NGR), small leaves shape (FORCH), big leaves shape (FORGR), small leaves crossed section curvature (CUSTCH) and big leaves crossed section curvature (CUSTGR), made a big contribution to genotype variability. The Principal Components Analysis (PCA) for the 40 morphological variables indicated that 13 PC explains 81 % of the variability. The dendrogram generated of the 15 guava genotypes utilizing morphological characters created with the Ward method of cluster and euclidian distances indicated that the genotypes grouped in relation to the geographical origin. This in according to the groups formed utilizing the RAPD markers.

Key Words: *Psidium guajava* L., genetic variability, RAPD.

¹ Tesista de Maestría en Ciencias en Biotecnología Agrícola, Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco, México.

² Director Profesor-Investigador, Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco, México.

I. INTRODUCCIÓN

La diversidad genética del guayabo (*Psidium guajava* L.) que se encuentra en los cultivares y sus parientes silvestres es un tesoro biológico que constituye la materia prima para el mejoramiento genético. México es el segundo productor mundial de guayaba después de la India. En nuestro país en el año 2002 existían 22 827.86 ha plantadas con guayabo, con un volumen de producción de 281, 945.9 toneladas (SAGARPA, 2004). La mayor parte de la producción comercial se obtiene de selecciones regionales que son transportadas de unas regiones a otras para su cultivo, pero en forma precisa se desconoce la riqueza genética que existe en el país, a diferencia de los Estados Unidos de Norteamérica y la India que utilizan casi 50 variedades mejoradas (González *et al.*, 2002).

En México, el guayabo normalmente se propaga vía asexual y los productores sólo conocen las características fenotípicas de los cultivares, ignorando las características genéticas del material que están propagando. Una forma de identificar los genotipos de guayabo es por medio de técnicas especializadas basadas en marcadores de ADN. Drew (1997) mencionó que los marcadores genético-moleculares son segmentos de ADN con una ubicación física identificable en un cromosoma y cuya herencia se puede rastrear a través de generaciones. Un marcador puede ser un gen o un fragmento de ADN sin función conocida. Los marcadores se usan como una forma indirecta de rastrear el patrón hereditario de un gen que no se ha identificado todavía y cuya

posición aproximada en un cromosoma se desconoce. Los marcadores se usan para el mapeo genético, como primer paso para determinar la posición e identidad de un gen y en algunos países se están usando para complementar la caracterización fenotípica para el registro y protección de nuevas variedades vegetales.

Con la identificación genética se pueden asociar marcadores moleculares a los fenotipos y conocer el comportamiento de los cultivos. Por lo anterior, este trabajo de investigación se propuso como objetivos caracterizar 17 genotipos de guayabo mediante técnicas basadas en marcadores moleculares tipo RAPD y algunas variables morfológicas, así como determinar la eficiencia de los marcadores moleculares vs. variables morfológicas para diferenciar genotipos.

1. 1. OBJETIVOS

- Caracterizar 17 genotipos de guayabo mediante técnicas basadas en marcadores moleculares tipo RAPD y algunas variables morfológicas.
- Determinar la eficiencia de los marcadores moleculares vs. variables morfológicas para diferenciar genotipos.

1. 2. HIPÓTESIS

- Existe variabilidad genética entre genotipos de guayabo de diferente procedencia debido al flujo genético, la expresión genética y al tipo de propagación de los genotipos.
- Los marcadores moleculares son más eficientes que los morfológicos para diferenciar genotipos dado que no son influenciados por el ambiente.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2. 1. Origen

Determinar el origen del guayabo *Psidium guajava* L. presenta un alto grado de dificultad debido a que existe una gran diversidad fenotípica tanto en árboles como en frutos (González *et al.*, 2002). Sin embargo, se sabe que es nativo de América tropical (Purseglove, 1969), ubicándolo en el área comprendida entre México y Perú (Tong y Khay, 1990; Nakasone y Paul, 1998; Vavilov, 1931).

En México, las distintas razas de guayabo reciben diferentes nombres nativos: pichi, chac-pichi (maya, Yucatán); posh (mixe, Oaxaca); enandí (tarasco, Michoacán); bec (huasteco, S. L. P.); xoxococuahuitl (Morelos), entre otros (Pennington y Sarukhán, 1968), lo cual refuerza el planteamiento de que su centro de origen se encuentra en el continente americano.

2. 2. Clasificación botánica y morfología de *Psidium guajava* L

Según González *et al.* (2002), el guayabo pertenece al Reino *Plantae*, Subreino *Fanerogamae*, Subdivisión *Lignosae*, Clase *Angiospermae*, Subclase *Dicotyledoneae*, Orden *Myrtaceae*, Género *Psidium*, Especie *guajava*.

El guayabo es un árbol o arbusto pequeño (Samson, 1986), bajo condiciones de alta humedad puede tener una altura de 6-9 m, aunque algunos autores como Morton (1987) y Yadava (1996) señalan que es un arbusto de 3-10 m de altura. El diámetro del tallo puede oscilar entre los 20-30 cm o más (Nakasone y Paul, 1998; Morton, 1987; Yadava, 1996). El tronco es por lo regular torcido y

ramificado y con frecuencia presenta una gran cantidad de hijuelos de raíz (Nakasone y Paul, 1998).

Las hojas son simples, opuestas, de pecíolo corto de 5-10 mm y semiredondo, ovaladas o elípticas-oblongas con la base obtusa, redondeada o subcordada y el ápice obtuso acuminado o recortado y puntiagudo (Tong y Khay, 1990). Las hojas miden de 5 a 15 cm de largo y de 3 a 7 cm de ancho, tienen de 10 a 28 pares de nervaduras laterales que son hundidas por arriba y prominentes por abajo, de color amarillo verdoso y se arquean cerca del margen, su haz es liso y un poco ceroso y su envés es veloso o glabro (Tong y Khay, 1990).

Las flores son hermafroditas y pediceladas de 2-3 cm de diámetro, nacen solitarias o en grupos de dos a tres en las axilas de las hojas, poseen de 4-5 sépalos que son verdes en el exterior y blancos en el interior, los cuatro o cinco pétalos, son abovados, blancos, cubiertos de pubescencia densamente apretada en ambas superficies o lisos por dentro y de 1.5 a 2.0 cm de largo (Tong y Khay, 1990; Yadava, 1996). Los estambres son numerosos y están insertados en hileras alrededor del disco, los filamentos son blancos y las anteras ovoides-oblongas de color amarillo claro. El estilo es filiforme, liso, de color verde amarillento y de 15-20 mm de largo (Purseglove, 1969).

El fruto es una baya globosa, periforme y su tamaño es variable (5-10 cm) dependiendo del cultivar y de los nutrimentos del suelo. Los frutos son de color amarillo verdoso y crema en su exterior, son rugosos o lisos, brillantes y

fragantes. La pulpa es carnosa de color blanco, blanco amarillento, rosado o rojo, amarillo o ligeramente naranja con sabor dulce (Samson, 1986; Nakasone y Paul, 1998).

2. 3. Propiedades nutritivas del fruto del guayabo

Según Consumer (2005) el fruto de guayabo presenta las siguientes características: su componente mayoritario es el agua. Es de bajo valor calórico, escaso contenido de hidratos de carbono y menor aún de proteínas y grasas. Destaca su contenido en vitamina C; concentra unas siete veces más que la naranja. Aporta en menor medida otras vitaminas del grupo B (sobre todo niacina o B3, necesaria para el aprovechamiento de los hidratos de carbono, grasas y proteínas). Si la pulpa es anaranjada, es más rica en provitamina A (carotenos). Respecto a los minerales, destaca su aporte de potasio. El contenido de fibra es elevado por lo que posee un suave efecto laxante y previene o reduce el riesgo de ciertas alteraciones y enfermedades. En el Cuadro 1 se muestra la composición en 100 g de porción comestible del fruto.

CUADRO 1. Composición en 100 g de porción comestible del fruto de guayabo.

Componente	Cantidad
Calorías	33.0
Hidratos de carbono (g)	6.7
Fibra (g)	3.7
Potasio (mg)	290.0
Magnesio (mg)	16.0
Provitamina A (µg)	72.5
Vitamina C (mg)	273.0
Niacina (mg)	1.1

Fuente: Consumer (2005)

2. 4. Usos del guayabo

Según la Conabio (2005), el guayabo tiene los usos siguientes:

La madera se utiliza en carpintería para la elaboración de muebles e implementos de trabajo como piezas de arado y carretas y también como combustible; los extractos de hojas se usan como insecticida para controlar algunos gusanos y bacterias y también se usa para la extracción de colorante para teñir seda y algodón; el fruto se consume fresco o en conservas (jaleas, mermeladas, ates o miel) y jugos, en vinos y bebidas refrescantes, además de servir como forraje para la cría de ganado; de la corteza, hoja, raíz y flor se extraen taninos que se usan para curtir pieles.

Además de lo mencionado, esta planta tiene uso medicinal y actualmente es importante para tratar casi medio centenar de padecimientos; se utiliza con frecuencia para tratar enfermedades gastrointestinales como la diarrea, escalofríos y dolor de estómago, mediante la infusión de las hojas. Además, se recomienda para tratar la caries, hinchazón, bilis, escarlatina, heridas, fiebre y deshidratación. Las hojas estrujadas se usan para curar heridas, úlceras y reuma y masticadas para curar las heridas en la boca. Los extractos fenólicos (guaverina, ácido psidiolico, quercetina) de hojas y flores han demostrado actividad antibiótica (G-) contra *Escherichia coli*, *Salmonella enteritidis* y *Shigella flexneri* (Conabio, 2005).

2. 5. Importancia del guayabo en México

En 2002 existían 22 827.86 ha sembradas con guayabo en México, con un volumen de producción de 281 945.9 toneladas (SAGARPA, 2004). Considerando la superficie cultivada, el guayabo ocupa el 12º lugar entre las principales especies y variedades de frutas que se explotan comercialmente en el país.

En México la guayaba se produce de manera comercial en 20 estados. Por superficie plantada, los estados de mayor importancia son Michoacán, Aguascalientes, Zacatecas, Jalisco, Estado de México, Guerrero, Guanajuato, Chiapas, Querétaro, Nayarit, Hidalgo, Tabasco, Oaxaca, Colima, Morelos, Baja California Sur, Yucatán, Veracruz y Sinaloa (SAGARPA, 2004). Sin embargo, el cultivo del guayabo se concentra en los estados de Aguascalientes, Michoacán y Zacatecas, los cuales en el año 2002 obtuvieron rendimientos de 15 134, 14 763 y 8 796 ton ha⁻¹, respectivamente (SAGARPA, 2004).

2. 6. Variedades cultivadas y germoplasma de guayabo

La especie más importante de la familia *Myrtaceae* es *Psidium guajava* L., la cual inicialmente se consideró que estaba constituida por dos especies, que se diferencian en la forma de los frutos: a) plantas con frutos redondos como manzana y con aroma a fresa, agrupados en *P. pamiferum*; y b) plantas con frutos periformes y pulpa blanca, incluidos en *P. pyriferum* (Morton, 1987). Sin embargo, actualmente estos tipos de guayaba son reconocidos como variaciones de la misma especie (Morton, 1987). Las diferencias en vigor y

tamaño de las plantas, rendimiento, forma, tamaño y calidad de la guayaba, se deben a la polinización cruzada que ocurre en forma natural y que puede llegar hasta un 41 % según Morton (1987), aunque Purseglove (1969) señala que ocurre en un 35 %. Si se considera que el guayabo se propaga principalmente por semilla, y que se ha cultivado y distribuido por el hombre, aves y animales, las variaciones pueden ser muy numerosas.

A pesar de que el guayabo comenzó a tener importancia en todas las zonas tropicales y subtropicales del mundo, el desarrollo de variedades cultivadas con características superiores, se dio hasta mediados del siglo XX, siendo en los Estados Unidos (Hawai, Florida), India, Brasil y Sudáfrica, donde se han obtenido variedades con características específicas para el consumo en fresco, las cuales tienen: frutos de menor tamaño, pulpa blanca o amarilla, sabor agridulce a dulce; mientras que para la industria las características son: pulpa rosada intenso, mayor porcentaje de acidez y recuperación de 80 % o más de puré (Lara, 1983).

2. 7. Caracterización morfológica en guayabo

Laksminarayana y Moreno (1978) encontraron una alta heterogeneidad morfológica y bioquímica en frutos de guayabo cultivado (en Calvillo, Aguascalientes e Ixtapan de la Sal, Estado de México) debido a la reproducción sexual del cultivo.

Padilla *et al.* (2002) evaluaron 12 selecciones de guayabo cultivado en la región Calvillo-Cañones mediante caracteres morfológicos y observaron que éstos, a pesar de la variabilidad encontrada, tendieron a ser similares a los tipos “China” y “Media China” siendo éstas las variedades genéricas más cultivadas en dicha región, concluyendo que el guayabo “Media China” tiene una reducida variabilidad fenotípica.

Padilla *et al.* (2003) al evaluar 24 selecciones de guayabo con base en características cualitativas de hoja, encontraron que la mayor parte de las selecciones tuvieron hojas de forma oblonga, cordadas de la base y obtusas del ápice de las hojas. Aunque para la curvatura de la sección transversal se observaron las tres variantes (débil, media y fuerte), el nivel fuerte fue el que predominó en todas las selecciones.

Por otro lado, Martínez de Lara *et al.* (2004) encontraron variabilidad morfológica entre y dentro de huertas de guayabo en Calvillo, Aguascalientes, lo cual parece confirmar los resultados de Laksminarayana y Moreno (1978) los cuales sugieren que cada huerta de guayabo puede haber sido establecida con planta de origen diverso o que la variabilidad morfológica existente se debe a que los árboles han sido propagados sexualmente por cada productor. Por otra parte Hernández *et al.* (2003) observaron una amplia variabilidad fenotípica en características de la planta de guayabo entre y dentro de 12 árboles seleccionados procedentes de cuatro plantaciones analizadas.

2. 8. Marcadores moleculares de ADN

La agricultura ha producido una notoria pérdida de diversidad genética en los acervos genéticos de la mayoría de las especies cultivadas. La conservación y utilización de los recursos genéticos se ha convertido en un importante componente de los programas de mejora. El uso de los marcadores moleculares ha permitido una mayor eficacia en diferentes aspectos de la utilización de los recursos fitogenéticos.

Un marcador molecular es cualquier diferencia fenotípica controlada genéticamente y utilizada en el análisis genético. Por tanto, un marcador genético es un locus marcador que tiene que ser polimórfico. Como marcador puede utilizarse con una doble finalidad, para marcar o señalar el locus que controla la diferencia fenotípica y/o para marcar otro locus próximo que controle algún carácter de interés (Nuez *et al.*, 2000).

Los marcadores moleculares permiten tener una gran cantidad de información sobre la diversidad genética y las relaciones filogenéticas en el germoplasma utilizado por el mejorador, ayudan a dilucidar las clases genéticas presentes y las similitudes genéticas entre ellas, así como cuánta diversidad está presente en dichas clases y sus relaciones evolutivas con sus parientes silvestres. El conocimiento de las relaciones genéticas entre genotipos es de gran utilidad en los programas de mejoramiento de plantas debido a que permite la organización del germoplasma, incluyendo líneas élite, y una selección parental más

eficiente. Además de permitir la protección legal del germoplasma de una región o un país (Picca *et al.*, 2002).

2. 8. 1. Marcadores moleculares RAPD

El análisis de Polimorfismos Amplificados al Azar en el ADN (RAPD) se basa en la utilización de oligonucleótidos de 10 pb que hibridan al azar con el ADN en estudio. Para que se genere un fragmento RAPD es necesario que las dos hebras del ADN presenten sitios de hibridación complementarios a los oligonucleótidos en orientaciones opuestas suficientemente cercanas (menos de 3000 pb) como para permitir la amplificación. La secuencia de los oligonucleótidos es aleatoria al igual que los sitios de hibridación, por lo que las secuencias amplificadas son desconocidas. El polimorfismo que se observa entre distintos individuos consiste en la presencia o ausencia de estos fragmentos de ADN amplificados (Picca *et al.*, 2002).

Los RAPD se heredan de manera mendeliana (Williams *et al.*, 1990) y la técnica tiende a producir marcadores dominantes. Los individuos que tienen dos copias (homocigotos) no se pueden diferenciar de aquellos que sólo tienen una copia (heterocigotos). Ocasionalmente se detecta algún RAPD codominante, lo que puede ocurrir cuando ha habido una inserción o delección dentro del fragmento a amplificar sin alteración del lugar de hibridación del iniciador.

La técnica de RAPD es atractiva debido a que es simple comparada con otras técnicas (Cuadro 2), de bajo costo y tiene la propiedad de generar un gran

número de marcadores (Karp y Edwards, 1995). Ésta técnica también tiene la ventaja de que no se requiere conocimiento previo del genoma en estudio y con muy poca cantidad de ADN se puede realizar el análisis (Williams *et al.*, 1990).

CUADRO 2. Características diferenciales de varios marcadores moleculares.

Características	RFLP	RAPD	SSR	AFLP	Secuencia PCR
Nivel de polimorfismo	Bajo-Medio	Medio	Alto	Medio	Medio
Automatización	No	Si/No	Si/No	Si/No	Si
Costo de automatización	Alto	Medio	Alto	Alto	Alto
Formalidad	Alto	Bajo	Alto	Medio	Alto
Nivel de habilidad requerida	Bajo	Bajo	Bajo-Medio	Medio	Alto
Radioactividad	Si/No	No	Si/No	Si/No	Si/No
Muestras por día	20	50	50	50	20

Fuente: Karp y Edwards (1995).

2. 9. Variabilidad genética en guayabo

Si los estudios a nivel morfológico y agronómico de guayabo son escasos tanto en México como a nivel mundial, los estudios que incluyen herramientas moleculares lo son todavía más; tal como se señala en esta breve revisión de los trabajos realizados en guayabo con marcadores moleculares.

Padilla *et al.* (2002) utilizaron marcadores moleculares RAPD y doce selecciones de guayabo "Media China" en México; observaron una similitud genética del 88 al 96 % entre las selecciones, lo que indicó una reducida variabilidad genotípica. Por otro lado, Martínez de Lara *et al.* (2004) aplicando la técnica RAPD detectaron diversidad genética en germoplasma colectado en la región Calvillo-Cañones en Aguascalientes entre y dentro de árboles procedentes de cuatro huertas distintas. Estos autores sugieren que

probablemente la variabilidad genética encontrada se debe a la propagación de plantas vía reproducción sexual para el establecimiento de estos huertos. Prakash *et al.* (2002) estudiaron la variabilidad molecular de 41 genotipos de guayabo, incluyendo cinco especies de *Psidium*, 23 variedades, 12 selecciones y un híbrido y encontraron una distancia de 54 % entre la variedad Mirjapur Seedling (*Psidium guajava* L.) y *P. cuadrangulares*, mientras que entre las selecciones SWY-1 y GR-1 la distancia mínima fue del 11 %. Con lo que concluyeron que, a pesar de que la base genética de los guayabos de la India es reducida, varios cultivares no fueron genéticamente idénticos y mostraron diversidad y orígenes independientes. Por otra parte, Domínguez *et al.* (2005) evaluaron la variabilidad morfológica y molecular de 82 plantas de guayabo tipo "Media China" sometidas a estrés por baja disponibilidad de nutrientes. Al analizar la eficiencia de los marcadores RAPD vs. caracteres morfológicos, encontraron que los primeros fueron más eficientes para definir y diferenciar grupos de plantas con deficiencias. De 49 bandas evaluadas el 96 % resultaron polimórficas, indicando una amplia variabilidad genética. Por otro lado, Hernández *et al.* (2003) al evaluar la diversidad genética de árboles de guayabo de cuatro huertas de San Tadeo, Calvillo, Aguascalientes mediante la técnica RAPD, encontraron una amplia diversidad genética entre los árboles dentro y entre las plantaciones, obteniendo como resultado un agrupamiento no muy definido con base en las huertas de origen.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

El presente trabajo de investigación se realizó en el Laboratorio de Biotecnología Agrícola e Invernadero de Fisiología Vegetal del Departamento de Fitotecnia de la Universidad Autónoma Chapingo.

3. 1. Material experimental

Se utilizaron 17 genotipos de guayabo, de los cuales, tres se colectaron en el Estado de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5) provenientes de semilla de un solo fruto; tres de Brasil, variedad Paluma de pulpa roja (PAL8) y Sassaoka pulpa roja y epidermis lisa (SASS15 y SASS16) los cuales se obtuvieron de estacas herbáceas e hijuelos de raíz, respectivamente; dos de Tlayacapan, Morelos (MOR9 y MOR10) de estaca de madera del mismo árbol; tres de Chiapas (CHI11, CHI12A y CHI24), dos de Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), un criollo de Zacatecas (CZAC21), un criollo blanco de Eytepequez, Veracruz (CVER12) y dos de Michoacán (JROS22 y RMICH25) obtenidos a partir de semilla.

3. 2. Purificación del ADN

La extracción de ADN de los 17 genotipos de guayabo se realizó según el protocolo propuesto por De la Cruz *et al.* (1997). A partir de hojas jóvenes se tomaron 0.3 g de tejido y se colocaron en un mortero previamente enfriado con nitrógeno líquido, se agregó más nitrógeno y se maceró hasta obtener un polvo fino, posteriormente se adicionó 390 μ L de amortiguador CTAB (Bromuro de cetil trimetil amonio, C₁₆ H₃₃ N [CH₃]₃ Br) al 4 % (p/v) (Cuadro 3); sin dejar de macerar se agregaron 1.5 mL de amortiguador STE (Cloruro de Sodio 5 M; Tris

100 mM, pH 8.0; EDTA 50 mM, pH 8.0) (Cuadro 3). Se continuó macerando hasta obtener una consistencia líquida, después, el macerado se transfirió a tres tubos eppendorf, donde se les agregó 50 μ L de SDS (Dodecil Sulfato de Sodio) al 20 % (p/v), se agitó vigorosamente durante unos minutos y se incubaron a 65 $^{\circ}$ C durante 10 minutos en un termoblock Scientific Products modelo 8297. Posterior a la incubación se les agregó 170 μ L de acetato de potasio 5 M y se colocaron en hielo durante 40 minutos. Se centrifugó en una centrifuga 5415C eppendorf a 14 000 rpm durante 20 minutos. Con ayuda de una micropipeta, se separó el sobrenadante y se colocó en tubos eppendorf nuevos. Después se adicionó 700 μ L de isopropanol frío, se mezcló suavemente y se incubó a -20 $^{\circ}$ C durante 1 h para precipitar el ADN. Posteriormente, se centrifugó a 10 000 rpm durante 10 minutos, se descartó el sobrenadante y se dejó secar la pastilla de ADN a temperatura ambiente durante 20-30 minutos. Una vez seca la pastilla de ADN, se adicionó 200 μ L de TE (Tris, 10 mM + Ácido tetra acético-diamina-etileno, 1 mM) a cada tubo. Resuspendido el ADN se adicionó 2 μ L de ARNasa A (10 mg \cdot mL $^{-1}$) y se incubó a 37 $^{\circ}$ C, durante dos horas. Posteriormente, se agregó 300 μ L de fenol equilibrado con Tris-HCl, pH 8.0; se mezcló y se centrifugó a 13 000 rpm durante 5 minutos para que se separaran las dos fases. La fase acuosa se colocó en un tubo nuevo, se agregó 600 μ L de cloroformo frío, se mezcló y se centrifugó a 13 000 rpm durante 5 minutos; se separó la fase acuosa y se adicionó 60 μ L de acetato de sodio 3 M más 600 μ L de isopropanol frío, se mezcló suavemente y se incubó a -20 $^{\circ}$ C, durante una hora. Nuevamente se centrifugó a 14 000 rpm durante 5 minutos, se eliminó el sobrenadante y se lavó

la pastilla con etanol al 70 % (v/v); posteriormente, se dejó secar la pastilla de ADN a temperatura ambiente durante 20-30 minutos. Finalmente, el ADN se resuspendió en 100 μL de TE y se almacenó a 4 $^{\circ}\text{C}$.

CUADRO 3. Reactivos utilizados en la preparación de los amortiguadores CTAB (al 4 %) y STE.

Reactivos	Amortiguador	
	CTAB	STE
Tris-HCl 1 M, pH 8.0	1.0 mL	2.0 mL
EDTA 0.5 M, pH 8.0	0.4 mL	2.0 mL
CTAB 10 %	4.0 mL	
NaCl 5 M	3.0 mL	0.4 mL
P V P 40 10 %	2.0 mL	
Ácido ascórbico	5.0 mg	
β -mercaptoetanol	7.0 μL	14.0 μL

3. 3. Evaluación de la calidad y cantidad de ADN

En un tubo eppendorf se agregaron 5 μL de ADN original con 995 μL de agua bidestilada estéril, se mezcló perfectamente y se colocó en un espectrofotómetro Jenway 6305 UV/vis, mismo que previamente se calibró a 260 nm y de la absorbancia obtenida se calculó la concentración de ADN en la solución de acuerdo con la siguiente fórmula:

$$\text{Concentración de ADN } (\mu\text{g}\cdot\mu\text{L}^{-1}) = \frac{(\text{Abs}_{260}) (200) (50 \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1})}{1000}$$

Donde:

Abs_{260} = Absorbancia en nanómetros.

200 = Factor de dilución.

$50 \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ = 1 D. O.

D. O = Densidad óptica.

Una vez cuantificado el ADN, se verificó su integridad y calidad en un gel de agarosa al 1.2 % (p/v), para lo que se siguió el procedimiento siguiente:

Primero, para saber cuantos μL de ADN original se necesitaba para cargar $1 \mu\text{g}$ en el gel se realizó un cálculo con la fórmula siguiente:

$$\mu\text{L de ADN original necesario para cargar } 1 \mu\text{g} = \frac{(1 \mu\text{g} \mu\text{L}^{-1} \text{ de ADN})(1 \mu\text{L})}{(\text{Concentración de ADN en } \mu\text{g} \cdot \mu\text{L}^{-1} \text{ de ADN})}$$

Realizados todos los cálculos, se pesó 2.16 g de agarosa y se colocó en un matríz donde también se agregó 180 mL de amortiguador TAE 0.5 X (Tris base 40 mM, pH 7.8; Acetato de sodio 20 mM y EDTA 2 mM, pH 8.0), para hacer un gel a una concentración al 1.2 % (p/v) de agarosa. Esto se mezcló y se puso a hervir hasta disolver perfectamente, se dejó enfriar y se vació en un portageles con un peine para formar pozos; después de que el gel solidificó se colocó dentro de la cámara de electroforesis y se cubrió con amortiguador de corrida TAE 0.5 X luego de remover el peine. Posteriormente, en un trozo de parafilm se colocaron gotas de amortiguador de carga (Cuadro 4), mismas que se mezclaron con la cantidad de ADN calculada según la fórmula mencionada previamente. Posteriormente, el ADN de las muestras más el amortiguador se depositaron en los pozos centrales y en los de los extremos del gel se colocaron $3 \mu\text{L}$ de marcador de peso molecular de 1 kb. Finalmente, se realizó la electroforesis a 85 voltios durante 2.5 h.

Concluida la electroforesis, el gel se removió y se tiñó en una solución a base de bromuro de etidio (Cuadro 4) por 15 minutos. Después se escurrió y se

colocó sobre un transiluminador de luz UV y se documentó con una cámara Kodak EDAS 290.

CUADRO 4. Soluciones utilizadas para cargar y teñir geles de agarosa.

Soluciones	Reactivos
Amortiguador TAE 1 X	Tris-base 40 mM (pH 7.8), acetato de sodio 20 mM EDTA 2 mM (pH 8.0)
Amortiguador de carga	0.2 % azul de bromofenol (p/v) 0.2 % xileno cianol (p/v) 25 % glicerol (v/v) 5 mM EDTA 50 mM Tris-HCl (pH 8.0)
Bromuro de etidio	0.5 $\mu\text{g}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ en TAE 1 X

3. 4. Obtención de los patrones RAPD

Para la obtención de los patrones RAPD se probaron 20 iniciadores de la serie A (Figura 1) y 10 de la serie B (Figura 2) de Operon®, de los cuales se seleccionaron los 15 que mejor patrón de bandeo mostraron (Cuadro 5). Posteriormente se realizaron las reacciones de PCR (Polymerase Chain Reaction, por sus siglas en inglés) con dichos iniciadores, aplicando el protocolo siguiente.

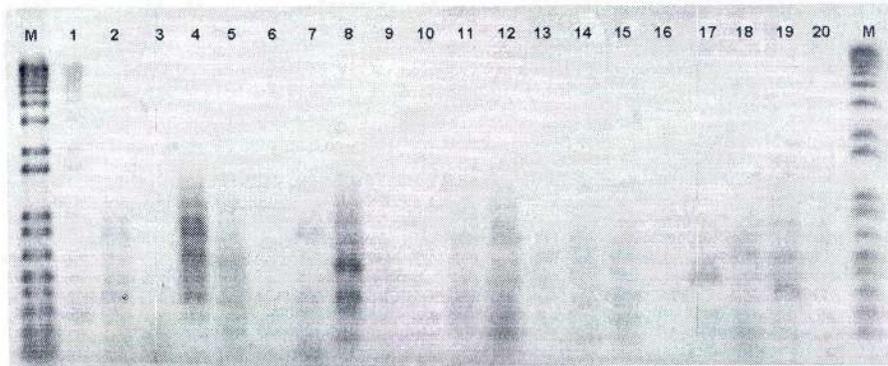


FIGURA 1. Patrones de bandeo resultantes de la prueba de 20 iniciadores de la serie A de Operon®. Carriles: 1: A-01, 2: A-02, 3: A-03, 4: A-04, 5: A-05, 6: A-06, 7: A-07, 8: A-08, 9: A-09, 10: A-10, 11: A-11, 12: A-12, 13: A-13, 14: A-14, 15: A-15, 16: A-16, 17: A-17, 18: A-18, 19: A-19 y 20: A-20. M: marcador de peso molecular 1kb plus (Invitrogen®).

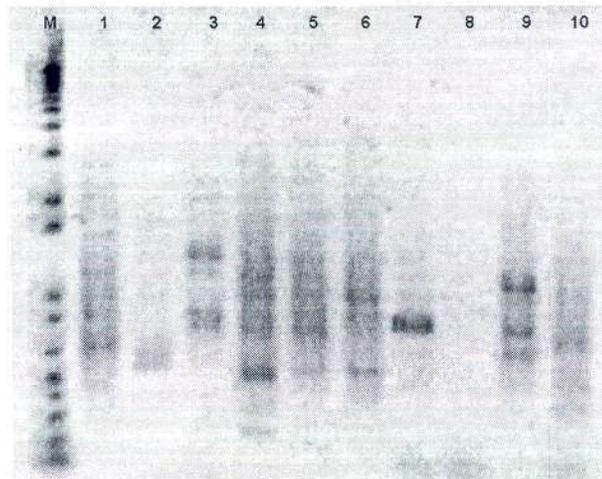


FIGURA 2. Patrones de bandeo resultantes de la prueba de 10 iniciadores de la serie B de Operon®. Carriles: 1: B-01, 2: B-02, 3: B-03, 4: B-04, 5: B-05, 6: B-06, 7: B-07, 8: B-08, 9: B-09 y 10: B-10. M: marcador de peso molecular 1kb plus (Invitrogen®).

CUADRO 5. Secuencias de iniciadores seleccionados para la obtención de los patrones RAPD en 17 genotipos de guayabo.

Iniciador	Secuencia (5'-3')
A02	TGC CGA GCT G
A04	AAT CGG GCT G
A05	AGG GGT CCT G
A07	GAA ACG GGT G
A08	GTG ACG TAG G
A12	TCG GCG ATA G
A18	AGG TGA CCG T
A19	CCA ACG TCG G
B01	GTT TCG CTC C
B03	CAT CCC CCT G
B04	GGA CTG GAG T
B05	TGC GCC CTT C
B06	TGC TCT GCC C
B09	TGG GGG ACT C
B10	CTG CTG GGA C

En un tubo eppendorf de 1.5 mL se agregó 2 μ L de ADN concentrado, al cual se le adicionó la cantidad de agua bidestilada estéril calculada con la fórmula:

Volumen de agua para obtener una dilución de ADN a $10 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1} = (\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$
de ADN de la muestra original * $2 \mu\text{L}$ de ADN de la muestra original/10ng, para
obtener una dilución a $10 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$.

Misma que se utilizó para hacer las reacciones de PCR con los iniciadores seleccionados, mencionados anteriormente. Posteriormente, para cada genotipo se marcó un tubo eppendorf de 0.2 mL y se adicionó 5 μ L del ADN diluido a 10 ng y en un tubo de 1.5 mL se preparó la mezcla de reacción en un volumen total de 25 μ L. La mezcla de reacción estuvo formada por amortiguadores, enzima Taq ADN polimerasa de Invitrogen® e iniciador según se muestra en el Cuadro 6. Adicionalmente, 20 μ L de la mezcla de reacción se

colocaron en cada tubo y se incubaron en un termociclador Techne TC-412 bajo las condiciones de temperatura que se indican en el Cuadro 7.

CUADRO 6. Componentes de la mezcla de la Reacción en Cadena de la Taq ADN polimerasa (PCR), para la obtención de los patrones RAPD.

Componentes de la mezcla	Volumen en μL
dH ₂ O (bidestilada estéril)	3.2
dNTP's (500 μM)	10.0
Amortiguador de PCR (10 X)	2.5
MgCl ₂ (50 mM)	1.0
Oligonucleótidos (10 pmol· μL^{-1})	3.0
Taq ADN Polimerasa (5 U· μL^{-1})	0.3
ADN genómico (10 ng· μL^{-1})	5.0
Total	25.0

CUADRO 7. Condiciones de temperatura de los ciclos de amplificación de la PCR (Reacción en Cadena de la Taq ADN Polimerasa), para la obtención de los patrones RAPD.

Fase	Temperatura (° C)	Tiempo (minutos)	Número de ciclos
Pre-desnaturalización	94	9	1
Desnaturalización	94	1	35
Alineamiento	37	1	
Extensión	72	1	
Extensión final	72	7	1

Los productos se separaron por electroforesis en geles de agarosa, teñidos con bromuro de etidio y se documentaron tal como se señala en la sección de cuantificación y evaluación de la integridad del ADN. La comparación entre los genotipos se hizo evaluando las similitudes y las diferencias en los patrones de bandeo, asignando el valor 0 a la ausencia y 1 a la presencia de una banda. Se cuantificó el número de bandas producto de la amplificación para cada iniciador, asignándose un número de acuerdo con la distancia de migración en el gel. Se

realizó el registro de los patrones RAPD obtenidos con los 15 iniciadores para los 17 genotipos y con esa información se construyó una matriz básica de datos (MBD).

3. 5. Evaluación de caracteres morfológicos

De los 17 genotipos caracterizados a nivel molecular, sólo en 15 de ellos se evaluaron caracteres morfológicos (Cuadros 8 y 9). Se tomaron ocho hojas chicas y ocho hojas grandes de la parte media de la rama de cada genotipo, las cuales se escanearon y mediante el programa IMAGE TOOL Ver. 3.0 (Wilcox *et al.*, 2002) se cuantificaron las variables siguientes: longitud del eje mayor, menor y del pecíolo, ángulo de la tercera y quinta nervadura, perímetro, índice de redondez y de compactación, área foliar, ángulo del eje mayor, ángulo del eje menor, elongación y diámetro feret. Las tres primeras variables se midieron usando la regla que proporciona el programa prolongando una línea vertical de la punta del ápice hasta la base de la hoja y una línea horizontal en la parte media de la hoja; para el pecíolo se prolongó una línea de la base de la hoja hasta el punto de corte del pecíolo. Los ángulos de la tercera y quinta nervaduras se determinaron prolongándolos con la ayuda del icono de ángulos del programa. La cuantificación de las variables índice de redondez y compactación, área foliar, ángulo del eje mayor, ángulo del eje menor, elongación y diámetro feret las obtuvo el programa automáticamente con sólo seleccionar cada hoja, ya que trabaja por medio de sombras (Figura 3). La variable ángulo de inserción del pecíolo se midió con ayuda de un transportador colocando la parte central del mismo en la rama del árbol. Adicionalmente a la

medición proporcionada por el IMAGE TOOL se utilizó un integrador de área foliar LI-COR, Inc. Lincoln Nebraska USA, mientras que el número de nervaduras se contó visualmente. A las mismas hojas se les evaluaron cuatro caracteres morfológicos cualitativos (Cuadro 9, Figura 4), mismos que se calificaron según la lista de descriptores morfológicos de la UPOV, Unión Internacional para la Protección de Nuevas Variedades de Plantas (1987).

CUADRO 8. Caracteres morfológicos cuantitativos evaluados en 15 genotipos de guayabo.

CARÁCTER	CLAVES PARA HOJA CHICA	CLAVES PARA HOJA GRANDE
Ángulo de inserción (°)	AICH	AIGR
Área foliar (cm ²) integrador	AFICH	AFIGR
Área foliar (cm ²) Image Tool	AFCH	AFGR
Longitud del pecíolo (cm)	LPCH	LPGR
Número de nervaduras	NCH	NGR
Perímetro (cm)	PECH	PEGR
Índice de redondez	REDCH	REDGR
Índice de compactación	COMCH	COMGR
Ángulo de la tercera nervadura (°)	A3NCH	A3NGR
Ángulo de la quinta nervadura (°)	A5NCH	A5NGR
Longitud del eje mayor (cm)	LEMACH	LEMAGR
Longitud del eje menor (cm)	LEMECH	LEMEGR
Ángulo del eje mayor (°)	AEMACH	AEMAGR
Ángulo del eje menor (°)	AEMECH	AEMEGR
Elongación (cm)	ELOCH	ELOGR
Diámetro feret	DIFECH	DIFEGR

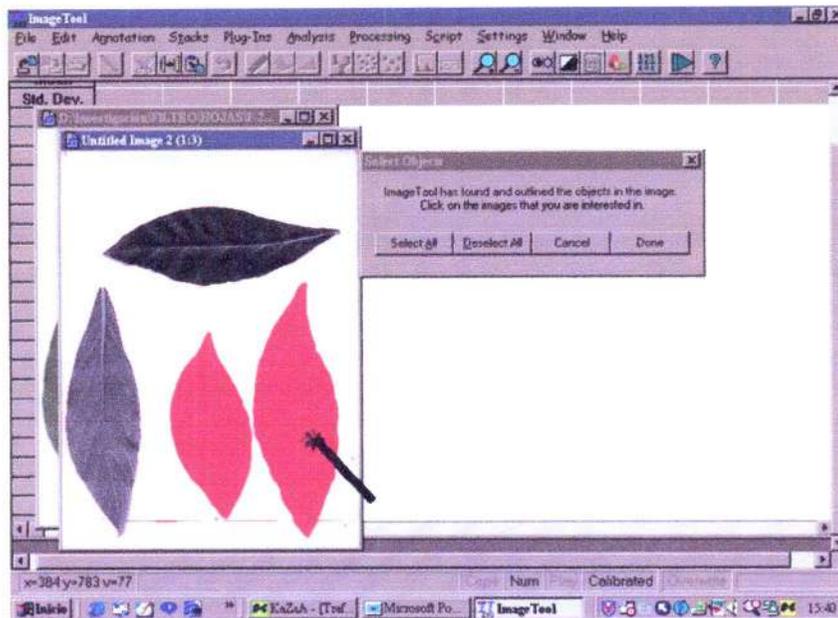


FIGURA 3. Ejemplo de análisis con el programa IMAGE TOOL Ver. 3.0 (Wilcox *et al.*, 2002).

CUADRO 9. Caracteres morfológicos cualitativos evaluados en 15 genotipos de guayabo según la lista de descriptores de la UPOV.

CARACTER	CLAVE PARA HOJAS CHICAS	CLAVE PARA HOJAS GRANDES	ESCALA DE MEDICIÓN
Forma de la hoja	FORCH	FORGR	1= Redonda, 2= Ovalada 3= Obovada, 4= Lanceolada 5= Oblanceolada, 6= Oblonga
Curvatura de la sección transversal	CUSTCH	CUSTGR	3= Débil, 5= Media 7= Fuerte
Forma de la base	FBACH	FBAGR	1= Obtusa, 2= Redonda 3= Acorazada
Forma del ápice	FAPCH	FAPGR	1= Acuminado, 2= Apiculado, 3= Agudo, 4= Obtuso 5=Redondo

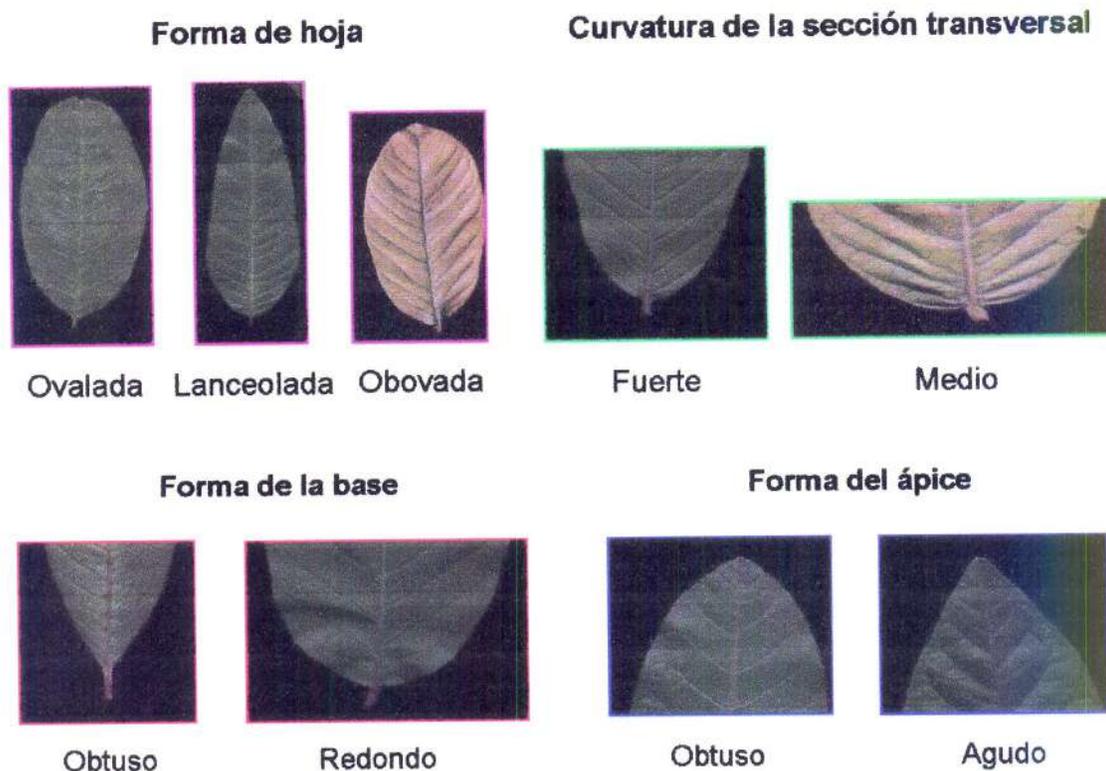


FIGURA 4. Caracteres morfológicos cualitativos de guayabo de la lista de descriptores de la UPOV (Unión Internacional para la Protección de Nuevas Variedades de Plantas, 1987).

3. 6. Análisis estadístico

3. 6. 1. Patrones RAPD. Con los patrones de bandeo generados por los productos de los iniciadores se construyó una matriz básica de datos (MBD), donde en las columnas se colocaron los 17 genotipos y en las filas las 226 bandas producto de los 15 iniciadores. A partir de la MBD se calculó una matriz de similitud utilizando el coeficiente de Jaccard (1908) citado por Sokal y Sneath (1963), misma que se usó para construir un dendrograma utilizando el programa NTSYS-Pc versión 2.1 (Rohlf, 1992). Posteriormente, con la misma MBD se realizaron 1000 remuestreos (bootstrapping) con el programa FreeTree

versión 0.9.1.50 (Hampel *et al.*, 2001) para llegar a obtener un dendrograma de mayor robustez, el cual se graficó con el programa TreeView versión 1. 6. 6 (Page, 1996).

Finalmente, con la MBD se hizo un análisis de componentes principales utilizando el programa NTSYS-Pc versión 2.1 (Rohlf, 1992) para obtener la formación de grupos de genotipos definidos agrupándolos con base a los dos primeros componentes principales.

3. 6. 2. Caracteres morfológicos

Con el propósito de analizar estadísticamente los caracteres morfológicos evaluados se realizaron los procedimientos siguientes:

- Selección de variables morfológicas mediante componentes principales a partir de la matriz de correlación de los datos. Posteriormente, con los primeros vectores propios de este análisis se determinó la importancia de los caracteres con respecto a la variabilidad de los datos, usando PROC PRINCOMP de SAS Ver. 8.0 (1999).
- Con las variables seleccionadas y estandarizadas se realizó un análisis de agrupamiento mediante el uso de distancias euclidianas cuadradas y la técnica de varianza mínima de Ward para la construcción del dendrograma. La altura de corte se determinó con base en el criterio

cúbico de agrupamiento y la pseudoestadística T^2 de Hotelling (Johnson, 2000), usando PROC CLUSTER y PROC TREE de SAS (1999).

- Tomando en cuenta los grupos formados en el punto anterior como clases categóricas, se aplicó un análisis discriminante canónico con el propósito de comprobar dichas agrupaciones y detectar las variables con mayor importancia que diferenciaron los grupos generados (Bowley, 1999) mediante PROC DISCRIM de SAS (1999).
- Con las variables seleccionadas y estandarizadas se realizó un segundo análisis de agrupamiento mediante el uso de distancias euclidianas cuadradas y la técnica de varianza mínima de Ward para detectar relaciones fenotípicas entre genotipos y se construyó el dendrograma correspondiente usando PROC CLUSTER y PROC TREE de SAS (1999).
- La metodología anterior se aplicó a los datos moleculares utilizando la distancia genética de Nei (1972) para obtener el dendrograma respectivo y poder compararlo contra el generado a partir de las variables morfológicas.
- Finalmente, se realizaron análisis de varianza y comparación de medias para comprobar diferencias morfológicas entre los genotipos.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4. 1. Análisis RAPD

De los 15 iniciadores analizados, cuatro de la serie A mostraron un polimorfismo menor al 80 % (A02, A12, A18 y A08 con 41.66, 50, 60 y 75 %, respectivamente), mientras que todos los iniciadores de la serie B indicaron la existencia de un polimorfismo superior al 80 %, tal como se puede observar en el Cuadro 10. En el mismo Cuadro 10 se establece que los iniciadores A04 y A07 detectaron un polimorfismo arriba del 90 %. De un total de 226 bandas amplificadas, el 84.07 % mostraron polimorfismo, resultado que supera a lo encontrado por Padilla *et al.* (2002) quienes de un total de 107 bandas RAPD evaluadas, sólo el 60 % fueron polimórficas. En las Figuras 5C y 5D se muestran los patrones de bandeo obtenidos mediante amplificación con los iniciadores OPB09 y OPB10, que permiten observar la existencia de diferencias entre los genotipos evaluados, con 93.33 y 95.65 % de polimorfismo, respectivamente. Lo anterior sugiere la existencia de diferencias genéticas entre los genotipos de guayabo evaluados, colectados en distintos estados de la República Mexicana y del Brasil.

En el dendrograma de la Figura 6 se presenta la definición de siete grupos luego de un análisis de los patrones de bandeo utilizando el programa NTSYS-Pc versión 2.1. El grupo I se formó con los genotipos NAY3 y NAY4, originarios de Nayarit; el grupo II incluyó los genotipos NAY5 de Nayarit y CHI11 de Chiapas; el grupo III lo integraron los genotipos MOR9, MOR10, CZAC21, RMICH25 y TTAM26 de Morelos, Zacatecas, Michoacán y Tamaulipas,

respectivamente; el grupo IV incluyó los genotipos CVER12 de Veracruz y los CHI12A y CHI24 de Chiapas; mientras que los genotipos TAM13 de Tamaulipas y los SASS15 y SASS16 de Brasil, conformaron el grupo V. El genotipo PAL8 de Brasil formó el grupo VI, mientras que el grupo VII incluyó el genotipo JROS22 del estado de Michoacán.

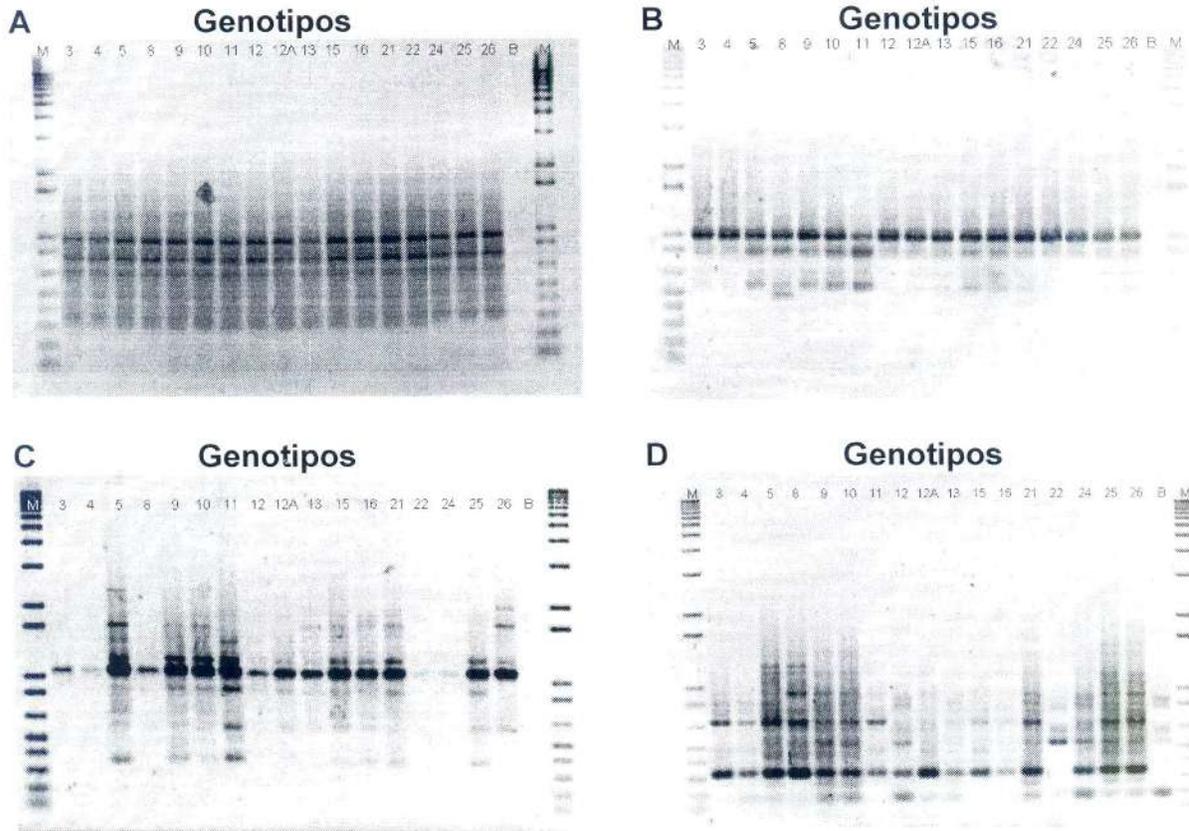


FIGURA 5. Patrones de bandas RAPD obtenidos con los iniciadores A-02, A-18, B-09 y B-10 (A, B, C y D, respectivamente) de 17 genotipos de guayabo. Genotipos: 3: NAY3, 4: NAY4, 5: NAY5, 8: PAL8, 9: MOR9, 10: MOR10, 11: CHI11, 12: CVER12, 12A: CHI12A, 13: TAM13, 15: SASS15, 16: SASS16, 21: CZAC21, 22: JROS22, 24: CHI24, 25: RMICH25, 26: TTAM26. M: Marcador de peso molecular 1kb plus (Invitrogen®). B: Blanco.

CUADRO 10. Número de bandas amplificadas con los iniciadores de las series A y B de Operon® en 17 genotipos de guayabo.

Iniciador	Secuencia (5'-3')	Productos amplificados		% de polimorfismo	% de bandas monomórficas
		Totales	Polimórficos		
A02	TGC CGA GCT G	12	5	41.66	58.34
A04	AAT CCG GCT G	20	18	90.00	10.00
A05	AGG GGT CCT G	21	17	80.95	19.05
A07	GAA ACG GGT G	24	22	91.66	8.34
A08	GTG ACG TAG G	12	9	75.00	25.00
A12	TCG GCG ATA G	4	2	50.00	50.00
A18	AGG TGA CCG T	5	3	60.00	40.00
A19	CAA ACG TCG G	1	1	100.00	0.00
B01	GTT TCG CTC C	21	18	85.71	14.29
B03	CAT CCC CCT G	9	9	100.00	0.00
B04	GGA CTG GAG T	20	16	80.00	20.00
B05	TGC GCC CTT C	18	16	88.88	11.12
B06	TGC TCT GCC C	21	18	85.71	14.29
B09	TGG GGG ACT C	15	14	93.33	6.67
B10	CTG CTG GGA C	23	22	95.65	4.35
		226	190	84.07	15.93

Los genotipos genéticamente más alejados fueron JROS22, NAY5, CHI11 y PAL8, los cuales son de Michoacán, Nayarit, Chiapas y Brasil, respectivamente, con un valor de similitud del 41 %, mientras que los genéticamente más relacionados fueron MOR9 y MOR10, procedentes de Morelos, con un 91 % de similitud (Cuadro 11). Los valores de similitud obtenidos abarcaron un rango mayor al encontrado por Padilla *et al.* (2002) quienes reportan valores de similitud entre 88 a 97 %, lo cual sugiere que los genotipos evaluados en el presente trabajo presentaron una mayor variabilidad genética entre ellos. Lo anterior se debe probablemente a que la base genética considerada fue más amplia, pues se incluyeron genotipos procedentes de varios estados del país, así como del Brasil; mientras que Padilla *et al.* (2002) evaluaron materiales procedentes de una sola región del país.

En lo que concierne a los genotipos de origen brasileño, SASS15 y SASS16 fueron los más relacionados, mientras que PAL8 fue el más alejado. SASS15 y SASS16 agruparon fuertemente con el genotipo mexicano TAM13 de Tamaulipas, con un coeficiente de similitud de 76 %; mientras que PAL8 agrupó con la mayoría de los genotipos evaluados, con un coeficiente de similitud cercano a 60 % (Figura 6, Cuadro 11).

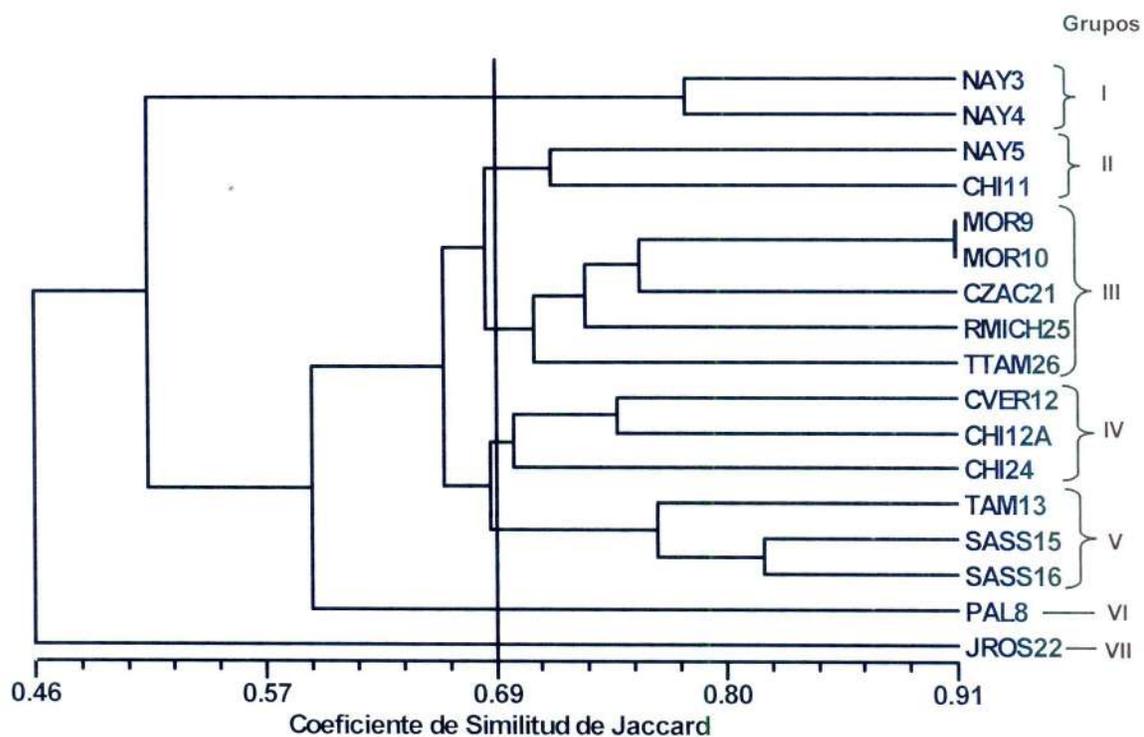


FIGURA 6. Dendrograma construido usando el coeficiente de similitud de Jaccard con los patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo procedentes de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5), Morelos (MOR9 y MOR10), Chiapas (CHI11, CHI12A y CHI24), Veracruz (CVER12), Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), Michoacán (JROS22 y RMICH25), Zacatecas (CZAC21) y Brasil (PAL8, SASS15 y SASS16).

La robustez del agrupamiento obtenido se comprobó mediante un análisis de 1000 remuestreos utilizando el programa Free Tree Ver. 0.9.1.50 (Figura 7). El árbol de consenso obtenido corroboró los grupos formados en el dendrograma

de similitud (Figura 6) obtenido usando el programa NTSYS-Pc versión 2.1, indicando con ello la consistencia de los grupos detectados.

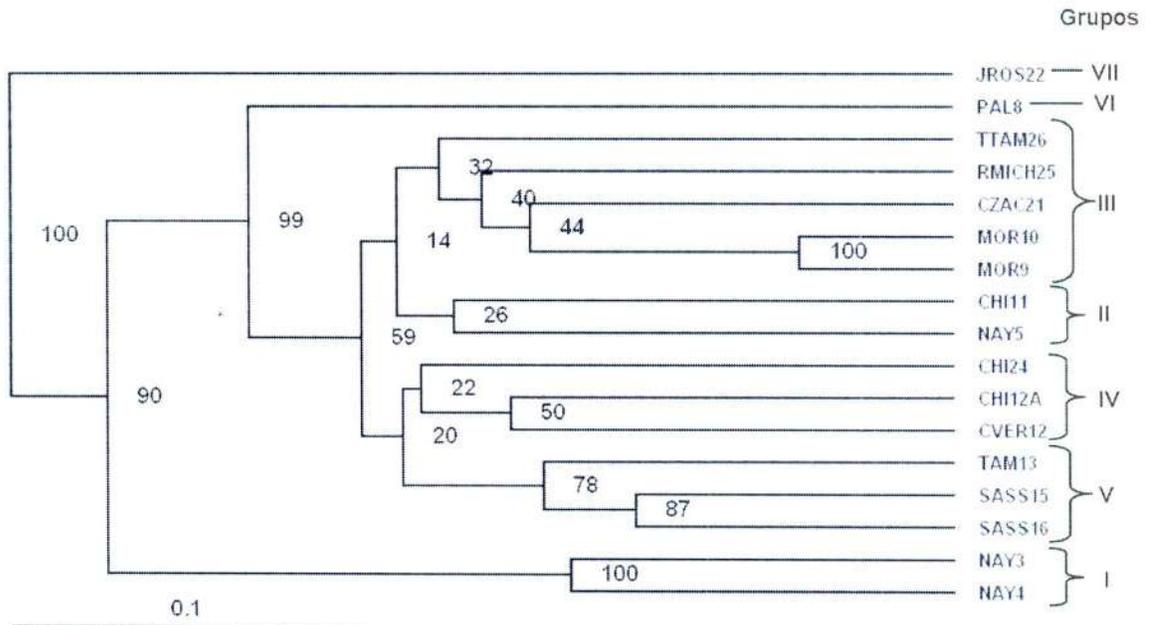


FIGURA 7. Dendrograma construido a partir de 1000 combinaciones de remuestreo obtenida mediante el coeficiente de Jaccard de los productos RAPD de 17 genotipos de guayabo. Los números en las ramas indican el número de veces en porcentaje en que la topología de una rama particular se repite. Genotipos procedentes de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5), Morelos (MOR9 y MOR10), Chiapas (CHI11, CHI12A y CHI24), Veracruz (CVER12), Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), Michoacán (JROS22 y RMICH25), Zacatecas (CZAC21) y Brasil (PAL8, SASS15 y SASS16). La longitud de la línea indica 0.1 de disimilitud.

CUADRO 11. Coeficientes de similitud de Jaccard (debajo de la diagonal) y de distancia Nei72 (arriba de la diagonal) entre 17 genotipos de guayabo procedentes de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5), Morelos (MOR9 y MOR10), Chiapas (CHI11, CHI12A y CHI24), Veracruz (CVER12), Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), Michoacán (JROS22 y RMICH25), Zacatecas (CZAC21) y Brasil (PAL8, SASS15 y SASS16).

Coefficiente de distancia de Nei72

Genotipo	NAY3	NAY4	NAY5	PAL8	MOR9	MOR10	CHI11	CVER12	CHI12A	TAM13	SASS15	SASS16	CZAC21	JROS22	CHI24	RMICH25	TTAM26
NAY3		0.13	0.37	0.39	0.36	0.38	0.44	0.37	0.34	0.34	0.37	0.31	0.38	0.48	0.34	0.37	0.43
NAY4	0.78		0.37	0.42	0.35	0.33	0.41	0.37	0.35	0.36	0.40	0.30	0.38	0.52	0.32	0.34	0.43
NAY5	0.51	0.5		0.18	0.19	0.18	0.18	0.28	0.27	0.25	0.24	0.24	0.17	0.51	0.24	0.23	0.23
PAL8	0.50	0.48	0.71		0.26	0.28	0.28	0.33	0.31	0.39	0.36	0.33	0.27	0.52	0.28	0.29	0.29
MOR9	0.51	0.52	0.71	0.63		0.05	0.22	0.26	0.24	0.29	0.25	0.20	0.14	0.39	0.21	0.18	0.20
MOR10	0.50	0.54	0.71	0.61	0.91		0.18	0.24	0.22	0.26	0.24	0.19	0.15	0.41	0.23	0.18	0.20
CHI11	0.45	0.47	0.71	0.60	0.67	0.72		0.25	0.20	0.26	0.17	0.20	0.21	0.50	0.22	0.26	0.24
CVER12	0.52	0.52	0.60	0.56	0.63	0.65	0.63		0.16	0.21	0.25	0.21	0.26	0.39	0.18	0.27	0.27
CHI12A	0.54	0.53	0.62	0.58	0.65	0.67	0.69	0.75		0.17	0.18	0.19	0.23	0.44	0.22	0.22	0.18
TAM13	0.54	0.53	0.63	0.51	0.60	0.62	0.62	0.68	0.73		0.14	0.14	0.23	0.49	0.24	0.23	0.22
SASS15	0.51	0.49	0.65	0.53	0.64	0.64	0.73	0.64	0.72	0.76		0.11	0.18	0.46	0.23	0.24	0.21
SASS16	0.56	0.57	0.65	0.56	0.69	0.71	0.69	0.68	0.70	0.76	0.82		0.17	0.40	0.21	0.17	0.22
CZAC21	0.50	0.49	0.74	0.62	0.76	0.75	0.68	0.62	0.65	0.66	0.71	0.73		0.37	0.21	0.15	0.19
JROS22	0.45	0.43	0.41	0.41	0.49	0.48	0.41	0.50	0.46	0.44	0.45	0.49	0.50		0.37	0.45	0.45
CHI24	0.54	0.55	0.65	0.61	0.68	0.66	0.66	0.72	0.67	0.64	0.66	0.69	0.68	0.51		0.19	0.26
RMICH25	0.52	0.54	0.66	0.60	0.72	0.72	0.63	0.62	0.67	0.65	0.65	0.73	0.75	0.45	0.70		0.18
TTAM26	0.47	0.46	0.66	0.60	0.70	0.70	0.64	0.61	0.72	0.66	0.69	0.67	0.71	0.45	0.63	0.71	

Coefficiente de similitud de Jaccard

Los resultados obtenidos muestran que algunos de los genotipos originarios de una región en particular tendieron a agruparse, tal fue el caso del grupo I (NAY3 y NAY4), los genotipos MOR9 y MOR10 del grupo III, CHI12A y CHI24 del grupo IV y SASS15 y SASS16 del grupo V, lo que indica que están genéticamente emparentados. Sin embargo, también se observaron algunos genotipos agrupados con genotipos de otras regiones, lo que puede indicar la posibilidad de flujo genético. Tal es el caso del grupo II que contiene genotipos de Nayarit y Chiapas; el grupo III que contiene dos genotipos de Morelos, uno de Zacatecas, Michoacán y Tamaulipas, respectivamente; el grupo IV con dos genotipos de Chiapas y uno de Veracruz; un genotipo de Tamaulipas con dos de Brasil conforman el grupo V. Los materiales JROS22 de Michoacán y PAL8 de Brasil formaron grupos individuales (VII y VI, respectivamente).

Los resultados sugieren que pudo presentarse intercambio de genotipos entre productores de los distintos estados de la República Mexicana y productores de otros países como Brasil. Este flujo genético también pudo deberse al transporte de semillas por aves migratorias que van de un lugar a otro; sin embargo, la explicación más plausible es que los productores hayan transportado semillas o esquejes de genotipos para propagarlos por diferentes motivos.

De acuerdo con el Cuadro 12, de las 226 bandas evaluadas, fueron necesarios 16 componentes principales para explicar el 100 % de la variabilidad observada y de éstos, los cuatro primeros explicaron el 52.13 % de la variabilidad (Cuadro

12). Dicho análisis permitió la formación de grupos de genotipos bien definidos (Figura 8), agrupándolos con base en los dos primeros componentes principales. El componente principal uno (CP1) integrado por las bandas A04-5, A04-8, A04-12, A04-14, A04-15, A04-16, A05-1, A05-3, A05-3, A05-5, A05-10, A05-12, A05-16, A07-8, A07-9, A07-14, A07-18, A07-19, A07-21, A07-22, A07-24, A08-9, A08-10, A18-4, B01-10, B01-11, B01-12, B01-19, B03-4, B03-6, B04-1, B04-7, B04-16, B04-17, B04-18, B04-19, B05-3, B05-5, B05-8, B05-12, B06-3, B06-5, B06-8, B06-9, B06-15, B06-16, B09-2, B09-6, B09-7, B09-8, B09-11, B09-13, B09-14, B09-15, B10-3, B10-13, B10-14 y B10-22 (Cuadro 13), permitieron integrar tres grupos de genotipos, uno conformado por JR22 de Michoacán, otro que incluyó a N3 y N4 de Nayarit y un tercer grupo que integró a los genotipos N5 de Nayarit, M9 y M10 de Morelos, C11, C12A y C24 de Chiapas, CV12 de Veracruz, T13 y T26 de Tamaulipas, RM25 de Michoacán, CZ21 de Zacatecas y P8, S15 y S16 de Brasil. El CP2 integrado por las bandas A04-5, A04-7, A04-9, A04-15, A05-1, A05-10, A05-12, A05-19, A07-2, A07-7, A07-8, A07-9, A07-13, A07-18, A07-19, A07-24, A08-1, A08-3, A08-9, A08-10, A08-11, B01-6, B01-7, B01-12, B03-4, B03-6, B04-9, B04-10, B04-13, B04-17, B04-19, B05-1, B05-2, B05-3, B05-5, B06-1, B06-2, B06-8, B06-9, B06-10, B06-15, B06-19, B09-4 y B10-13, B10-14 y B10-16 (Cuadro 13), permitieron formar cuatro grupos de genotipos, uno integrado por N3 y N4 de Nayarit, un segundo grupo que conformó a los genotipos N5 de Nayarit y P8 de Brasil, el genotipo JR22 de Michoacán integró un tercer grupo y el cuarto grupo que englobó a los genotipos M9 y M10 de Morelos, C11, C12A y C24 de Chiapas, CV12 de Veracruz, T13 y T26 de Tamaulipas, RM25 de Michoacán, CZ21 de Zacatecas

y S15 y S16 de Brasil. En el Cuadro A1 del Anexo se muestran los vectores propios de los 16 componentes principales procedentes de patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo.

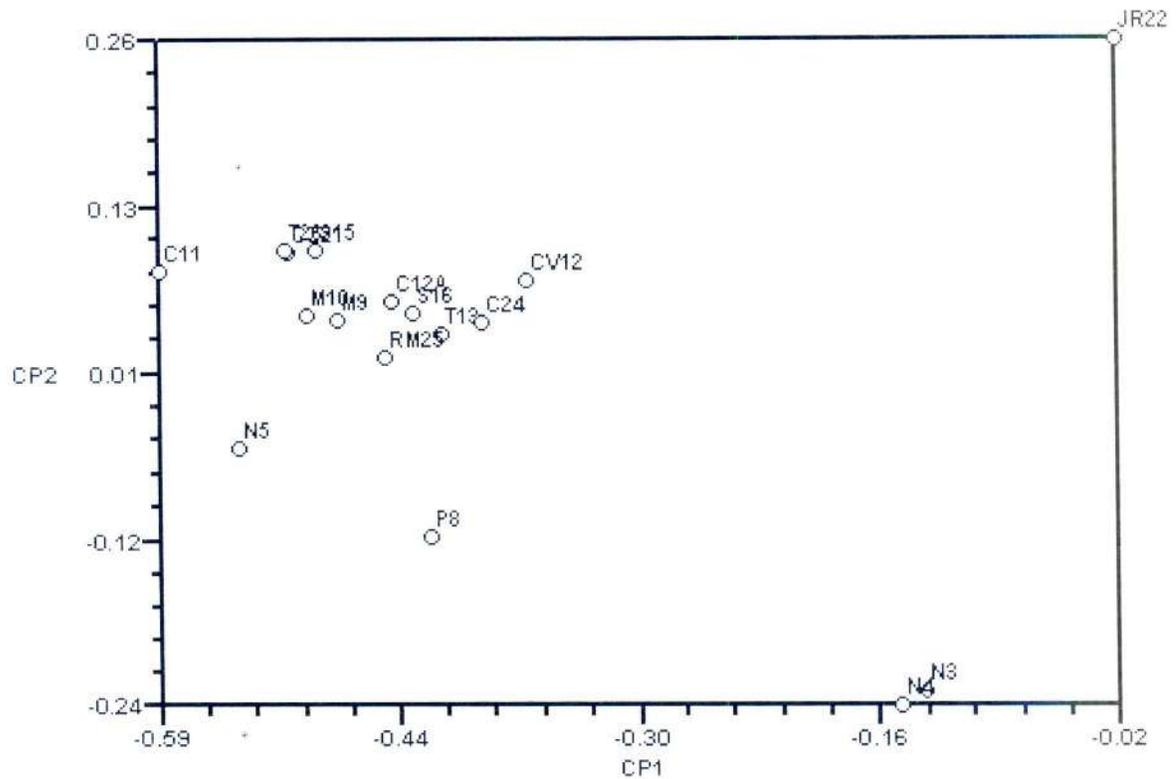


FIGURA 8. Diagrama de dispersión de 17 genotipos de guayabo con base en los dos primeros componentes principales del análisis de RAPD. Nayarit (N3: NAY3, N4: NAY4 y N5: NAY5), Morelos (M9: MOR9 y M10: MOR10), Chiapas (C11: CHI11, C12A: CHI12A y C24: CHI24), Veracruz (CV12: CVER12), Tamaulipas (T13: TAM13 y T26: TTAM26), Michoacán (JR22: JROS22 y RM25: RMICH25), Zacatecas (CZ21: CZAC21) y Brasil (P8: PAL8, S15: SASS15 y S16: SASS16).

CUADRO 12. Valores propios y porcentaje de variación explicada por los primeros 16 componentes principales, con base en los patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo.

CP	Valores Propios	Porcentaje (%)	
		Individual	Acumulado
1	35.5794495	18.7260	18.7260
2	24.6468974	12.9721	31.6981
3	22.5105843	11.8477	43.5458
4	16.3154249	8.5871	52.1328
5	14.2646373	7.5077	59.6405
6	12.8255493	6.7503	66.3908
7	11.3066219	5.9509	72.3417
8	9.5874448	5.0460	77.3877
9	8.8773015	4.6723	82.0600
10	7.2260056	3.8032	85.8631
11	6.6282163	3.4885	89.3516
12	6.0139428	3.1652	92.5169
13	4.6993242	2.4733	94.9902
14	4.3437103	2.2862	97.2764
15	3.4204637	1.8002	99.0766
16	1.7544263	0.9234	100.0000

CP: Componente principal.

CUADRO 13. Vectores propios de cuatro componentes principales (CP) procedentes de patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo.

Banda	Peso molecular (pb)	CP1	CP2	CP3	CP4
A02-2	1325	0.1513	0.0776	0.4376	0.6255
A02-3	1260	-0.1626	0.3727	0.5045	0.3617
A02-4	1130	-0.1635	0.1236	0.1001	0.3047
A04-1	2500	-0.2878	0.1113	0.0030	-0.4735
A04-2	2300	-0.3484	0.1312	0.0779	0.0518
A04-3	2200	-0.4153	-0.1240	0.6961	-0.1342
A04-4	2100	-0.2100	-0.1421	0.3436	-0.1420
A04-5	1950	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
A04-7	1618	0.0544	0.5195	-0.1415	0.2895
A04-8	1585	-0.5267	0.1042	0.0310	0.2304
A04-9	1553	0.3781	-0.5147	-0.1391	0.0863
A04-12	1260	-0.7974	-0.0778	-0.0810	-0.0227
A04-13	1065	-0.2599	0.1778	-0.0571	0.3514
A04-14	850	-0.5656	0.1787	0.1142	0.1001
A04-15	670	0.7138	0.6211	0.2500	-0.0552
A04-16	560	-0.5243	0.3314	-0.5070	0.0637
A04-17	500	-0.1869	-0.3070	0.6925	-0.3710
A04-19	300	-0.3384	0.1112	0.2468	0.1532
A05-1	1650	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
A05-2	1585	0.0798	-0.0564	0.2594	0.1548
A05-3	1445	-0.7791	0.1775	0.1542	0.0448
A05-5	1358	-0.5455	0.2909	-0.0612	0.4301
A05-8	1000	-0.3449	0.2231	0.0146	-0.0249
A05-10	850	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
A05-12	750	-0.5541	-0.5283	-0.0530	0.2418
A05-14	460	-0.1774	0.1560	-0.1274	-0.5473
A05-16	400	-0.5966	0.0326	0.4165	0.0667
A05-17	310	-0.0336	0.2867	0.1033	0.1347
A05-18	300	0.3835	0.0325	0.0246	-0.1556
A05-19	250	-0.0329	0.5130	-0.0493	0.0056
A05-20	210	-0.1635	0.1236	0.1001	0.3047
A05-21	160	-0.1533	0.1558	-0.1226	-0.5496
A07-2	2750	-0.0687	0.6170	-0.3135	0.3218
A07-3	2600	-0.2141	0.1097	-0.0155	-0.4487
A07-6	2000	-0.1627	-0.2173	-0.1383	-0.7013
A07-7	1685	0.1610	0.5313	0.1237	-0.1629
A07-8	1650	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943
A07-9	1520	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
A07-10	1488	-0.4498	0.0021	0.0660	-0.3868
A07-13	1293	0.2855	-0.7864	0.3769	-0.2102
A07-14	1195	-0.6344	0.4114	-0.4800	0.2241
A07-18	865	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
A07-19	830	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
A07-21	530	-0.8080	-0.1010	-0.0880	0.0090
A07-22	500	-0.5703	0.0578	0.4147	0.0147
A07-23	400	-0.1737	0.1270	-0.4167	0.0385

CUADRO 13. Continuación.

Banda	Peso molecular (pb)	CP1	CP2	CP3	CP4
A07-24	395	-0.5541	-0.5283	-0.0530	0.2418
A08-1	1325	-0.0053	0.5352	-0.4252	0.1917
A08-2	1650	-0.0460	-0.2783	0.6047	-0.3660
A08-3	880	-0.0467	0.5194	-0.2998	-0.1527
A08-7	530	-0.2438	-0.1219	0.4438	-0.6131
A08-8	500	0.1869	0.3070	-0.6925	0.3710
A08-9	400	0.5628	-0.7284	-0.1962	0.0943
A08-10	340	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943
A08-11	295	0.3460	-0.7033	0.0462	-0.0079
A12-1	628	-0.2878	0.1113	0.0030	-0.4735
A12-4	220	0.2795	0.0888	0.2409	0.1151
A18-3	650	-0.0304	-0.0156	-0.5549	-0.0408
A18-4	530	-0.5174	-0.4820	-0.1649	0.1432
A18-5	500	-0.0460	-0.2783	0.6047	-0.3660
A19-1	250	0.0305	-0.0438	0.2828	0.1378
B01-2	2750	-0.4222	0.0518	0.0673	-0.6131
B01-4	2000	-0.4334	0.0610	-0.1048	-0.6270
B01-5	1650	-0.3663	-0.0108	0.2274	-0.5649
B01-6	1618	-0.0836	0.5906	-0.0152	-0.0985
B01-7	1520	-0.4276	0.6298	0.1674	-0.2774
B01-9	1195	-0.1553	0.1376	-0.0332	0.0775
B01-10	1163	-0.5417	0.0057	0.6672	0.1481
B01-11	1065	-0.5417	0.0057	0.6672	0.1481
B01-12	993	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943
B01-14	850	-0.2141	0.1097	-0.0155	-0.4487
B01-15	800	-0.1976	0.2984	0.7757	0.1200
B01-19	400	-0.5942	0.1254	0.1399	-0.3206
B03-1	3350	-0.4439	0.1238	0.0697	-0.2473
B03-2	3050	-0.4439	0.1238	0.0697	-0.2473
B03-4	1325	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
B03-6	840	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
B04-1	3500	-0.6321	0.1587	-0.1953	-0.4109
B04-3	2300	-0.0448	-0.1023	0.1774	0.2759
B04-4	1488	-0.2865	-0.1949	0.7461	0.1185
B04-6	1325	0.1014	0.0270	0.5097	-0.1567
B04-7	1228	-0.7105	-0.1485	0.0352	0.1779
B04-9	993	-0.2531	0.5558	-0.3469	0.2360
B04-10	880	-0.2680	0.5575	0.1613	0.1040
B04-11	830	0.0460	0.2783	-0.6047	0.3660
B04-12	670	-0.1891	-0.1292	0.6181	0.2195
B04-13	650	-0.2830	0.5150	-0.0711	-0.4720
B04-16	410	-0.9162	0.2323	0.0115	-0.0457
B04-17	400	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943
B04-18	310	-0.9162	0.2323	0.0115	-0.0457
B04-19	300	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943
B05-1	2150	-0.4198	-0.5488	0.0519	0.1389
B05-2	1685	-0.4007	-0.5474	-0.1442	-0.1531
B05-3	1618	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552

CUADRO 13. Continuación.

Banda	Peso molecular (pb)	CP1	CP2	CP3	CP4
B05-4	1488	0.2135	-0.2348	0.6907	0.1468
B05-5	1390	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
B05-7	1228	0.1652	-0.1284	0.0526	-0.2648
B05-8	1098	-0.6430	0.1309	0.0212	-0.1883
B05-10	970	-0.4877	-0.2504	-0.6242	0.3076
B05-12	800	-0.5632	0.0475	0.3719	-0.0769
B05-14	660	-0.3046	-0.1499	0.5142	-0.6226
B05-16	635	-0.2966	-0.0433	0.0608	-0.7654
B05-18	400	-0.3171	-0.2900	0.6045	0.1463
B06-1	1755	-0.2830	0.5150	-0.0711	-0.4720
B06-2	1618	-0.3380	0.6892	-0.3134	-0.0899
B06-3	1488	-0.6833	0.3209	-0.4208	-0.0552
B06-4	1390	-0.1652	0.1284	-0.0526	0.2648
B06-5	1325	-0.5178	0.0178	-0.0584	-0.3034
B06-7	1293	-0.2100	-0.1421	0.3436	-0.1420
B06-8	1163	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
B06-9	1065	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
B06-10	963	-0.2855	0.7864	-0.3769	0.2102
B06-15	613	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
B06-16	515	-0.7485	0.1124	0.2352	0.1842
B06-17	490	-0.2922	0.0987	-0.1729	-0.0643
B06-18	390	0.2101	0.1205	-0.2490	-0.1302
B06-19	330	-0.2425	0.5791	-0.3400	0.2043
B06-21	200	-0.4600	0.0768	-0.1408	-0.5844
B09-1	2750	0.1008	0.0628	0.1021	0.2707
B09-2	2300	-0.6224	0.2263	-0.0577	0.2562
B09-4	1930	-0.3588	0.7204	-0.1849	-0.0462
B09-5	1650	0.1784	0.1066	-0.3391	-0.1352
B09-6	1618	-0.6684	0.2185	-0.0598	0.4129
B09-7	1488	-0.6419	0.2055	0.1122	0.4296
B09-8	1163	-0.7401	0.3179	-0.2901	0.2236
B09-9	1000	-0.4089	-0.2356	-0.5126	0.3470
B09-11	850	-0.7401	0.3179	-0.2901	0.2236
B09-13	575	-0.7277	0.2528	-0.1893	0.3491
B09-14	500	-0.7277	0.2528	-0.1893	0.3491
B09-15	350	-0.6276	0.1840	-0.1586	0.2123
B10-1	1585	-0.4164	0.0089	0.5602	0.3236
B10-2	1488	-0.0811	0.3060	0.6877	0.3019
B10-3	1325	-0.5778	0.1487	0.0094	0.0410
B10-4	1293	-0.3743	-0.0569	0.5727	0.3058
B10-5	1228	0.3356	-0.0588	0.5636	-0.1756
B10-6	1163	-0.2789	-0.1160	0.6471	0.0282
B10-7	1000	-0.4412	-0.0585	0.6645	0.5275
B10-8	963	-0.2500	-0.2852	0.5941	0.5404
B10-9	925	-0.0460	-0.2783	0.6047	-0.3660
B10-10	850	0.1046	-0.1620	0.6050	0.2264
B10-12	800	0.3391	0.0027	-0.1513	0.2114
B10-13	680	-0.5541	-0.5283	-0.0530	0.2418

CUADRO 13. Continuación.

Banda	Peso molecular (pb)	CP1	CP2	CP3	CP4
B10-14	650	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552
B10-15	643	-0.2774	0.4171	0.6104	0.0016
B10-16	613	0.3673	0.5228	0.1066	-0.0163
B10-17	538	-0.1869	-0.3070	0.6925	-0.3710
B10-18	500	-0.1228	0.3429	0.5805	0.2347
B10-19	450	0.0986	-0.2352	-0.7731	-0.4942
B10-20	330	-0.4412	-0.0585	0.6645	0.5275
B10-22	295	-0.6112	0.2392	-0.0176	0.1854

4. 2. Variables morfológicas

4. 2. 1. Componentes principales

Con base en los datos del Cuadro 14, 13 componentes principales (CP) explicaron el 81 % de la variabilidad observada para las variables morfológicas evaluadas en este estudio.

A partir de los vectores característicos se sumaron los valores absolutos de los coeficientes correspondientes a cada variable, con la finalidad de identificar los caracteres que tuviesen la menor contribución a la variabilidad para eliminarlas debido a su poca utilidad para discriminar genotipos (Cuadro 15).

CUADRO 14. Valores propios de 13 componentes principales, obtenidos a partir de 40 variables morfológicas.

CP	Valor propio	Diferencia	Proporción	Proporción acumulada
1	7.40	2.28	0.19	0.19
2	5.12	1.51	0.13	0.31
3	3.61	0.62	0.09	0.40
4	2.99	0.80	0.07	0.48
5	2.20	0.23	0.05	0.53
6	1.97	0.17	0.05	0.58
7	1.79	0.21	0.04	0.63
8	1.59	0.22	0.04	0.67
9	1.36	0.18	0.03	0.70
10	1.19	0.04	0.03	0.73
11	1.14	0.06	0.03	0.76
12	1.08	0.10	0.03	0.79
13	0.98	0.08	0.02	0.81

CP: Componente principal.

Las variables longitud de pecíolo hoja chica (LPCH), longitud de pecíolo hoja grande (LPGR), ángulo de la 3ª nervadura de hoja chica (A3NCH), ángulo de la 3ª nervadura de hoja grande (A3NGR), ángulo de la 5ª nervadura de hoja chica (A5NCH), ángulo de la 5ª nervadura de hoja grande (A5NGR), forma de hoja chica (FORCH), forma de hoja grande (FORGR), curvatura de la sección transversal de hoja chica (CUSTCH) y curvatura de la sección transversal de hoja grande (CUSTGR) fueron seleccionadas debido a que tuvieron la mayor contribución a la variabilidad observada entre genotipos. Estos resultados concuerdan con lo encontrado por Andrés *et al.* (2004) quienes al caracterizar desde el punto de vista morfométrico hojas de nueve selecciones y ocho cultivares de chirimoyo (*Annona cherimola* Mill), observaron que la longitud del pecíolo y el ángulo de la quinta nervadura fueron descriptores que contribuyeron de forma importante a la variabilidad entre genotipos y presentaron un buen nivel de independencia. Por otra parte UPOV (1987)

señala a la forma y curvatura de la sección transversal de la hoja como buenos descriptores para diferenciar genotipos de guayabo.

Aunque las variables A3NCH, A5NGR, FORCH y FORGR mostraron valores absolutos un tanto inferiores a los obtenidos para las variables A3NGR, A5NCH, FORGR y CUSTCH no se omitieron por ser variables homólogas a las otras cuatro mencionadas anteriormente.

CUADRO 15. Vectores propios de 13 componentes principales (CP) y suma de coeficientes absolutos por variable.

Variables	Componente Principal													Suma †
	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	
AICH	0.11	-0.03	0.03	-0.01	0.02	0.07	0.37	-0.13	-0.08	0.19	-0.26	-0.19	0.49	1.98*
AIGR	0.20	-0.00	-0.03	-0.12	-0.04	0.13	0.12	-0.19	0.15	0.15	-0.07	0.10	0.01	1.31*
AFICH	0.15	0.02	0.06	0.09	0.25	0.06	0.01	-0.00	-0.20	0.15	0.39	0.25	-0.01	1.64*
AFIGR	0.28	0.04	-0.16	-0.08	-0.03	0.04	-0.01	0.04	-0.00	-0.07	0.04	0.08	0.06	0.93*
LPCH	0.05	-0.11	0.03	0.09	0.23	0.12	0.25	-0.20	-0.24	0.08	0.41	0.02	0.19	2.02
LPGR	0.16	-0.03	0.00	0.08	-0.04	0.24	0.20	-0.23	-0.22	-0.17	0.25	-0.16	-0.08	1.86
NCH	-0.05	-0.13	0.02	0.05	-0.11	0.04	0.05	0.26	0.10	-0.39	0.17	0.10	0.33	1.80*
NGR	0.10	-0.18	-0.11	0.11	-0.07	-0.01	0.09	0.38	-0.10	-0.08	0.11	0.15	0.24	1.73*
A3NCH	0.02	0.18	-0.09	0.26	0.03	0.16	0.25	0.03	0.10	0.27	-0.23	-0.13	-0.02	1.77
A3NGR	-0.04	0.22	-0.05	0.13	0.07	-0.05	0.02	0.28	0.37	0.14	0.30	0.11	0.09	1.87
A5NCH	0.06	0.14	-0.10	0.24	0.12	0.02	0.32	0.01	0.24	0.14	0.04	0.16	-0.23	1.82
A5NGR	-0.08	0.23	0.03	0.16	0.03	-0.11	0.08	0.17	0.25	0.19	0.23	-0.11	0.11	1.78
AFCH	0.26	0.05	0.33	0.04	0.01	-0.10	0.02	0.02	-0.05	0.07	0.00	-0.04	0.07	1.06*
AFGR	0.31	0.01	-0.21	-0.10	-0.05	-0.00	-0.07	0.08	-0.00	-0.00	0.04	-0.10	-0.02	0.99*
PECH	0.26	-0.02	0.31	0.11	0.07	-0.12	0.07	-0.12	-0.03	0.06	0.04	-0.03	-0.09	1.33*
PEGR	0.28	-0.08	-0.22	0.07	-0.13	0.02	-0.13	0.02	-0.13	-0.00	0.05	-0.00	0.06	1.19*
LEMACH	0.27	-0.09	0.27	0.08	0.10	-0.12	-0.02	0.04	0.04	-0.01	-0.13	0.08	-0.00	1.25*
LEMAGR	0.28	-0.15	-0.19	0.03	-0.09	0.02	-0.16	-0.02	0.07	0.05	0.08	-0.10	0.03	1.33*
AEMACH	-0.21	0.09	0.02	0.01	0.05	0.18	-0.09	0.10	-0.10	0.21	-0.16	0.14	-0.02	1.40*
AEMAGR	-0.09	-0.21	-0.19	0.16	-0.05	-0.34	0.06	0.07	-0.09	-0.09	-0.16	0.16	0.12	1.79*

† Suma de valores absolutos (en sentido horizontal).

* Variables eliminadas.

AICH: Ángulo de inserción hoja chica; AIGR: Ángulo de inserción hoja grande; AFICH: Área foliar integrador hoja chica; AFIGR: Área foliar integrador hoja grande; LPCH: Longitud del peciolo hoja chica; LPGR Longitud del peciolo hoja grande; NCH: Número de nervaduras hoja chica; NGR: Número de nervaduras hoja grande; A3NCH: Ángulo de la tercera nervadura hoja chica; A3NGR: Ángulo de la tercera nervadura hoja grande; A5NCH: Ángulo de la quinta nervadura hoja chica; A5NGR: Ángulo de la quinta nervadura hoja grande; AFCH: Área foliar Image Tool hoja chica; AFGR Área foliar Image Tool hoja grande; PECH: Perímetro hoja chica; PEGR: Perímetro hoja grande; LEMACH: Longitud del eje mayor hoja chica; LEMAGR: Longitud del eje mayor hoja grande; AEMACH: Ángulo del eje mayor hoja chica; AEMAGR: Ángulo del eje mayor hoja grande.

CUADRO 15. Continuación.

Variables	Componente Principal													Suma †
	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	
LEMECH	0.21	0.17	0.33	0.07	-0.11	-0.08	-0.07	-0.03	0.01	-0.05	0.05	0.03	-0.00	1.21*
LEMEGR	0.28	0.14	-0.18	-0.18	0.00	-0.00	0.04	0.10	-0.05	-0.05	0.00	-0.10	-0.09	1.21*
AEMECH	0.01	-0.06	0.13	-0.08	0.10	0.56	-0.05	0.11	0.26	-0.16	-0.08	-0.04	0.07	1.62*
AEMEGR	-0.06	-0.06	0.11	-0.31	0.32	0.06	-0.25	-0.03	0.13	0.11	0.11	-0.16	0.05	1.65*
ELOCH	0.06	-0.33	-0.13	0.01	0.28	-0.05	0.07	0.12	0.02	0.03	-0.19	0.11	0.01	1.41*
ELOGR	-0.02	-0.30	-0.00	0.26	-0.12	0.02	-0.21	-0.17	0.17	0.08	0.09	0.03	0.13	1.60*
REDCH	-0.02	0.26	-0.00	-0.10	-0.32	0.08	-0.06	-0.20	-0.06	-0.00	0.08	0.14	0.20	1.60*
REDGR	0.03	0.19	0.03	-0.33	0.18	-0.01	0.12	0.13	-0.09	-0.01	-0.04	0.20	0.21	1.57*
DIFECH	0.26	0.05	0.33	0.07	-0.01	-0.11	-0.03	-0.02	0.05	-0.02	-0.05	0.07	0.00	1.07*
DIFEGR	0.31	0.01	-0.21	-0.11	-0.03	0.01	-0.04	0.06	-0.01	-0.01	0.03	-0.06	-0.01	0.90*
COMCH	-0.03	0.34	0.10	0.01	-0.30	0.04	-0.07	-0.07	-0.03	-0.07	0.16	-0.10	0.03	1.35*
COMGR	0.03	0.32	-0.03	-0.27	0.10	0.01	0.17	0.20	-0.14	-0.10	-0.07	0.02	-0.07	1.53*
FORCH	-0.00	-0.16	0.01	-0.15	-0.01	-0.07	0.28	0.11	0.13	-0.04	0.16	0.26	-0.43	1.81
FORGR	0.04	-0.06	0.04	-0.19	-0.31	0.15	-0.06	0.13	-0.02	0.50	0.06	0.19	-0.11	1.86
CUSTCH	0.04	-0.17	0.05	-0.26	-0.17	-0.21	0.21	-0.11	0.30	0.02	0.14	-0.16	0.20	2.04
CUSTGR	-0.04	-0.13	0.28	-0.03	-0.08	0.04	0.06	0.28	-0.25	0.15	-0.07	-0.31	-0.07	1.81
FBACH	0.03	0.14	-0.05	0.28	0.18	0.21	-0.24	0.00	-0.26	0.10	-0.03	0.17	-0.02	1.71*
FBAGR	0.07	0.12	-0.19	0.02	0.09	0.01	-0.03	-0.29	0.22	-0.01	-0.23	0.45	0.11	1.84*
FAPCH	0.06	0.09	-0.10	0.09	0.03	-0.08	-0.28	0.30	-0.10	0.21	-0.09	-0.08	0.25	1.76*
FAPGR	0.05	0.20	-0.09	0.11	0.28	-0.10	-0.09	-0.07	0.10	-0.35	0.01	-0.25	0.01	1.71*

† Suma de valores absolutos (en sentido horizontal).

* Variables eliminadas.

LEMECH: Longitud del eje menor hoja chica; LEMEGR: Longitud del eje menor hoja grande; AEMECH: Ángulo del eje menor hoja chica; AEMEGR: Ángulo del eje menor hoja grande; ELOCH: Elongación hoja chica; ELOGR: Elongación hoja grande; REDCH: Índice de redondez hoja chica; REDGR: Índice de redondez hoja grande; DIFECH: Diámetro feret hoja chica; DIFEGR: Diámetro feret hoja grande; COMCH: Índice de compactación hoja chica; COMGR: Índice de compactación hoja grande; FORCH: Forma de la hoja chica; FORGR: Forma de la hoja grande; CUSTCH: Curvatura de la sección transversal hoja chica; CUSTGR: Curvatura de la sección transversal hoja grande; FBACH: Forma de la base hoja chica; FBAGR: Forma de la base hoja grande; FAPCH: Forma del ápice hoja chica; FAPGR: Forma del ápice hoja grande.

4. 2. 2. Análisis de agrupamiento

Se realizó un análisis de agrupamiento con la técnica de varianza mínima de Ward, mediante la matriz de datos que incluyó las 10 variables morfológicas seleccionadas y a partir del análisis de componentes principales se generó el dendrograma de la Figura 9. En éste se puede apreciar que las 10 variables morfológicas seleccionadas agruparon de manera bastante aceptable a la mayoría de las ocho repeticiones consideradas dentro del genotipo correspondiente, con algunas excepciones para los genotipos MOR10 de Morelos, CHI12A de Chiapas, SASS15 y SASS16 de Brasil y JROS22 de Michoacán.

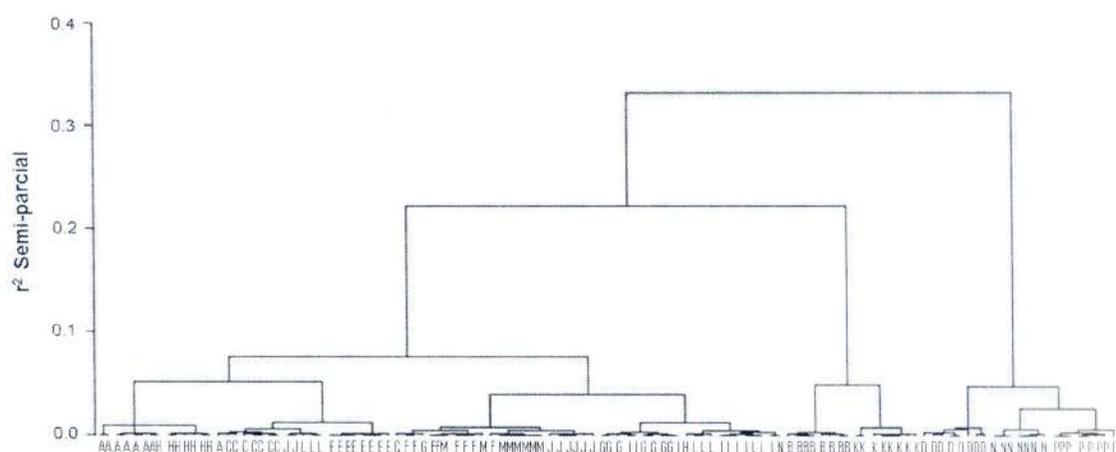


FIGURA 9. Dendrograma jerárquico de 15 genotipos de guayabo obtenido mediante el método de Ward. Donde: A: NAY3, B: NAY4, C: NAY5, D: PAL8, E: MOR9, F: MOR10, G: CHI12A, H: TAM13, I: SASS15, J: SASS16, K: CZAC21, L: JROS22, M: CHI24, N: RMICH25, P: TTAM26.

En la Figura 10 se muestran los valores del criterio cúbico de agrupamiento (CCC) y en la Figura 11 los valores de pseudoestadística cuadrada de Hotelling (PST^2) (Johnson, 2000).

Con el análisis del criterio cúbico de agrupamiento, a partir del sexto grupo se localiza una variación en la tendencia de este estadístico y al llegar al séptimo grupo, se observa un incremento, lo que sugiere que alrededor de éste valor se encuentra el número de grupos apropiados (Figura 10).

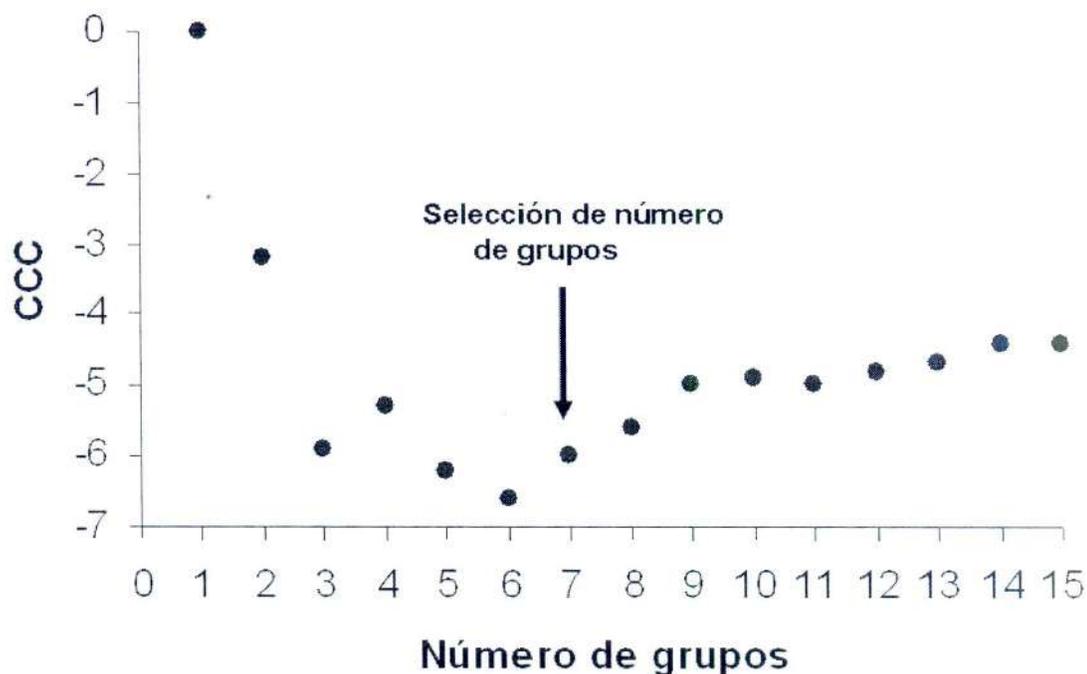


FIGURA 10. Conformación de grupos de acuerdo al Criterio Cúbico de Agrupamiento (CCC) del dendrograma de 15 genotipos de guayabo.

En el caso de la PST^2 se consideró la recomendación de Johnson (2000) que sugiere la conformación del número de grupos tomando en cuenta una PST^2 que sea la primera menor que el 20 % del total de genotipos estudiados; de acuerdo con la Figura 11, dicho valor ocurre en el grupo siete. Por lo que en este caso ambos estadísticos sugieren que los quince genotipos estudiados podrían agruparse en siete grupos.

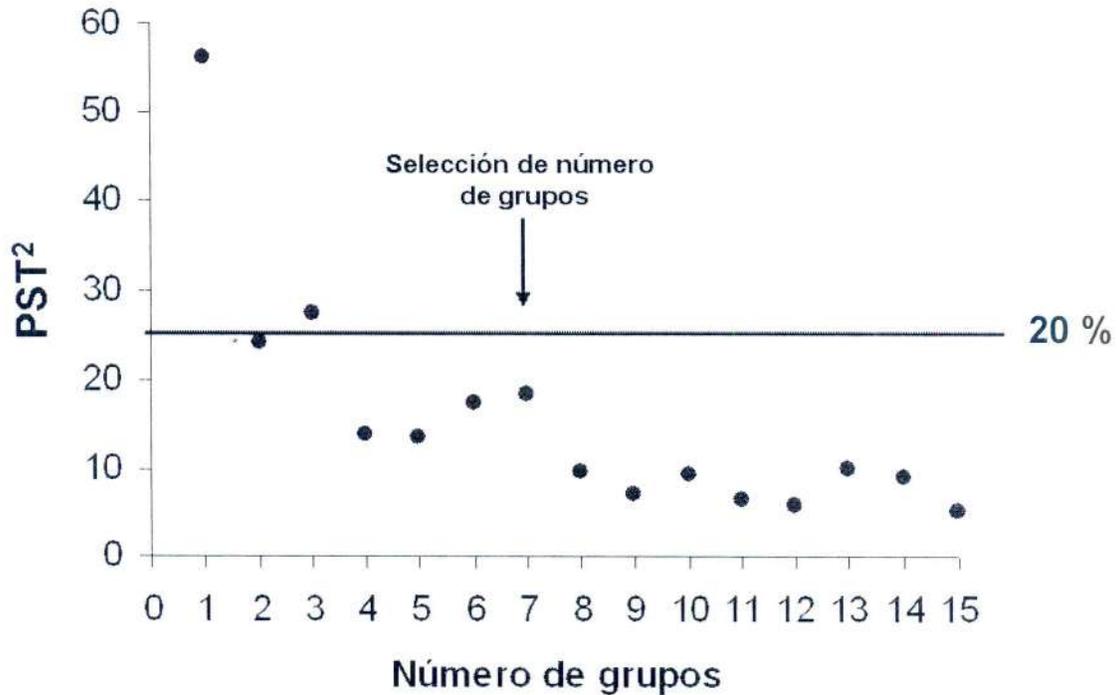


FIGURA 11. Conformación de grupos de acuerdo a la Pseudoestadística T^2 de Hotelling (PST^2) del dendrograma de 15 genotipos de guayabo.

4. 2. 3. Análisis discriminante canónico

Con el propósito de corroborar la pertinencia de los grupos sugeridos en el análisis anterior e identificar las variables que tuvieron mayor importancia en la definición de éstos, se realizó un análisis discriminante canónico, donde se consideró como variable categórica los 15 genotipos evaluados.

El análisis determinó que dos funciones discriminantes canónicas describieron el 93 % de la variabilidad presente en los grupos (Cuadro 16), con variación individual de 74 % y 19 %; siendo estos valores significativamente diferentes de cero ($\alpha \leq 0.01$).

CUADRO 16. Valores propios de funciones discriminantes canónicas de siete grupos de genotipos de guayabo.

Variable discriminante	Valor propio	Proporción	Proporción acumulada
VDC1	7.58	0.74**	0.74
VDC2	1.95	0.19**	0.93
VDC3	0.45	0.07	1.00

VDC1, VDC2, VDC3: variable discriminante canónica 1, 2 y 3, respectivamente. Diferente de cero con $\alpha \leq 0.01^{**}$

La estructura total canónica (Cuadro 17) que representa a las correlaciones lineales entre las funciones discriminantes generadas con las 10 variables seleccionadas, determinó que la variable discriminante canónica 1 (VDC1) tuvo mayor asociación positiva con los caracteres: longitud del pecíolo hoja chica (LPCH) y forma de la hoja grande (FORGR) y asociación negativa con longitud del pecíolo hoja grande (LPGR) y curvatura de la sección transversal de la hoja chica (CUSTCH). Dicho de otro modo, valores altos de VDC1 representan a genotipos con alta expresión de LPCH y FORGR, y bajos valores de LPGR y CUSTCH.

Respecto a la VDC2 las variables que tuvieron asociación positiva con ésta fueron longitud del pecíolo hoja chica (LPCH) y longitud del pecíolo grande (LPGR); y negativa con forma de la hoja grande FORGR; es decir, si aumenta el valor de la VDC2, corresponde con valores altos de LPCH y LPGR y bajos en FORGR (Cuadro 17).

De acuerdo con lo anterior, en la Figura 12, la cual identifica los grupos obtenidos a partir del dendrograma (Figura 9), se observa que los grupos 1, 6, 7, 8 y 9 están formados por plantas con mayor longitud del pecíolo en hojas

grandes y chicas; los grupos 3, 5, 10 y 14 los conforman plantas de hojas chicas y grandes obovadas con curvatura de la sección transversal pronunciada; plantas con menor longitud de pecíolo en hojas chicas y grandes y curvatura de la sección transversal pronunciada forman los grupos 11, 13 y 15. Por otro lado, el grupo 12 incluye plantas de hojas chicas y grandes obovadas con mayor longitud de pecíolo, mientras que los grupos 2, 4 y parte del grupo 9 se encuentran en el centro de la proyección ubicándolos por medio de los cuadrantes, lo que sugiere una disimilitud en la morfología foliar de estos grupos lo que coincide con lo encontrado por Andrés *et al.* (2004) (Figura 12). Por otra parte Padilla *et al.* (2003) reportan que la mayor parte de las selecciones evaluadas mostraron forma de hoja oblonga, contrario a lo encontrado en esta investigación ya que la forma de hoja predominante en los genotipos fue obovada, pero coincidiendo con la curvatura de la sección transversal fuerte (pronunciada). Por otro lado, Sanabria *et al.* (2005) al caracterizar 53 accesiones de *Psidium guajava* colectadas en nueve transectos del Valle del Cauca, Colombia, encontraron que la forma lanceolada se presentó en un 86.79 % de las accesiones estudiadas.

CUADRO 17. Estructura canónica de variables discriminantes canónicas definidas a partir de siete grupos de genotipos de guayabo.

Variable	Coeficiente canónico		Función discriminante	
	Can 1	Can 2	Can 1	Can 2
Longitud del pecíolo hoja chica	0.848	1.290	61.358	64.616
Longitud del pecíolo hoja grande	-1.783	0.498	-3.472	-3.432
Angulo 3 ^a nervadura hoja chica	0.131	-0.082	3.495	3.030
Angulo 3 ^a nervadura hoja grande	0.091	0.054	2.933	2.610
Angulo 5 ^a nervadura hoja chica	0.188	-0.054	4.851	4.665
Angulo 5 ^a nervadura hoja grande	0.020	0.176	2.217	2.121
Forma de la hoja chica	0.109	0.019	11.576	10.672
Forma de la hoja grande	0.301	-0.165	19.108	18.266
Curva sección transversal hoja chica	-0.118	-0.029	3.874	3.924
Curva sección transversal hoja grande	0.004	0.161	5.407	5.510

Aunque la representación gráfica de las ocho observaciones tomadas para cada genotipo (Figura 12) muestra que en la mayoría de los casos éstos se agrupan entre sí, existen algunas observaciones que tienden a agruparse con otros genotipos, concordando con lo observado en el dendrograma de la Figura 9, por lo que se procedió a obtener las medias por genotipo para cada una de las características morfológicas seleccionadas eliminando las observaciones fuera de tipo y se volvió a realizar el análisis discriminante canónico.

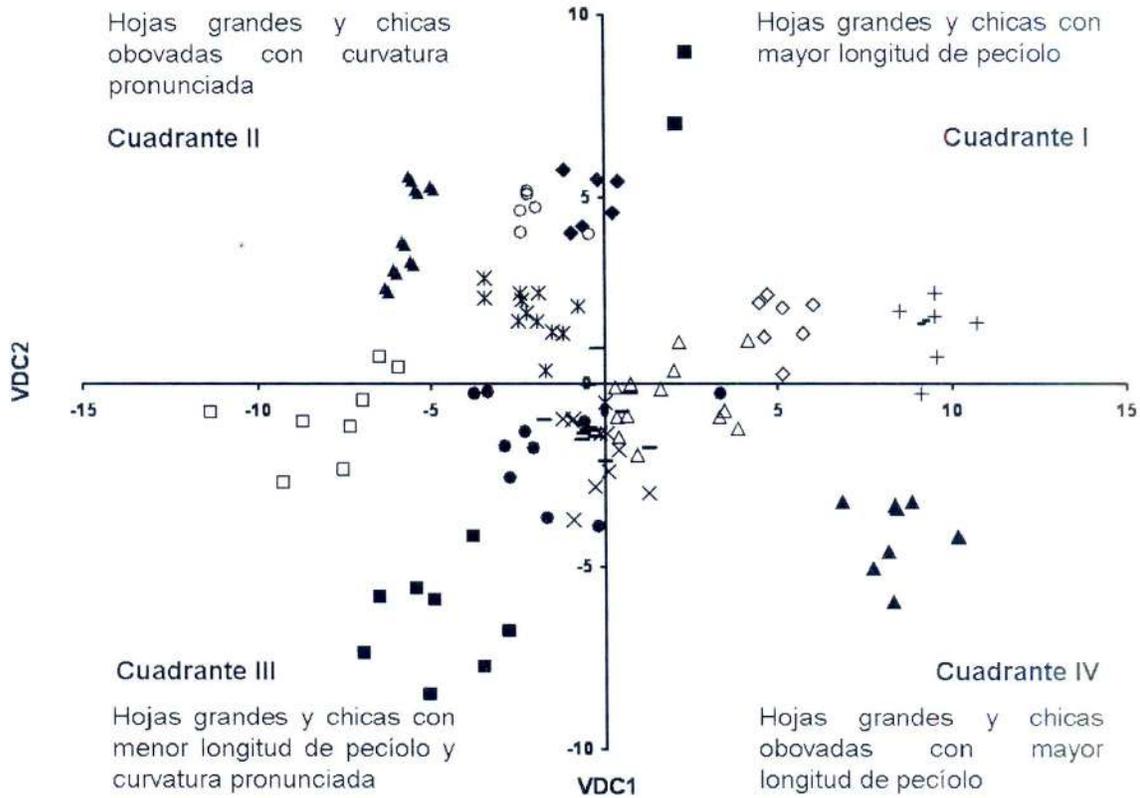


FIGURA 12. Representación gráfica de variables discriminantes de 15 grupos de genotipos de guayabo. Donde: -, Grupo 1; -, Grupo 2; ▲, Grupo 3; X, Grupo 4; ж, Grupo 5; ◇, Grupo 6; +, Grupo 7; ■, Grupo 8; △, Grupo 9; ◆, Grupo 10; ●, Grupo 11; ▲, Grupo 12; □, Grupo 13; ○, Grupo 14; ▪, Grupo 15.

4. 2. 4. Descripción de grupos

La estructura total canónica (Cuadro 18) que representa a las correlaciones lineales entre las funciones discriminantes generadas con las medias de las 10 variables seleccionadas, fue ligeramente diferente a la obtenida considerando todas las repeticiones por genotipo (Cuadro 17), probablemente debido a la eliminación de las observaciones fuera de tipo. Esta nueva estructura canónica determinó que la variable discriminante canónica 1 (VDC1) tuvo mayor asociación positiva con los caracteres ángulo de la tercera y quinta nervadura

de la hoja chica (A3NCH) y (A5NCH) y curvatura de la sección transversal de la hoja chica (CUSTCH) y asociación negativa con longitud del pecíolo de hoja chica y grande (LPCH), (LPGR) y forma de la hoja grande (FORGR). Dicho de otro modo, valores altos de VDC1 representan a genotipos con mayor expresión de A3NCH, A5NCH, CUSTCH y valores bajos de LPGR, LPCH y FORGR.

Respecto a la VDC2 los caracteres que tuvieron mayor asociación positiva con ésta fueron los ángulos de la tercera y quinta nervadura de la hoja grande (A3NGR) y (A5NGR); y estuvo asociada negativamente con la forma de la hoja grande (FORGR) y la curvatura de la sección transversal de hoja chica (CUSTCH) (Cuadro 18).

En la Figura 13, se muestra la representación gráfica de las variables discriminantes considerando las medias por genotipos. El cuadrante I que separa a los genotipos con mayores ángulos de la 3ª y 5ª nervadura en hojas chicas y grandes, agrupa a los genotipos NAY3, NAY4, NAY5, MOR9, MOR10, SASS15, SSAS16, PAL8, CHI12A y TAM13. Ocho de estos diez genotipos están agrupados por su lugar de origen: Nayarit, Morelos y Brasil, respectivamente; mientras que los genotipos CHI12A y TAM13 de Chiapas y Tamaulipas, aunque se salen del agrupamiento por origen, comparten características morfológicas similares al resto de los genotipos del cuadrante I. Por otra parte, el cuadrante II corresponde a genotipos con hojas grandes y chicas con menor longitud de pecíolo y forma de la hoja grande obovada, agrupa a los genotipos JROS22, CHI24 y RMICH25, donde dos de ellos

agrupan por su lugar de origen, en este caso, Michoacán; mientras que, el genotipo CHI24 aunque proveniente de Chiapas comparte características fenotípicas similares a los otros dos genotipos. El cuadrante III está definido por hojas grandes con curvatura media de la sección transversal, dentro del cual sólo se ubica el genotipo CZAC21 proveniente de Zacatecas, características que no compartió con alguno de los genotipos restantes por lo que formó un grupo individual. Una situación similar ocurrió en el cuadrante IV el cual se definió por los caracteres hojas chicas ovobadas con curvatura pronunciada de la sección transversal, donde sólo el genotipo TTAM26 de Tamaulipas presentó dichas características.

CUADRO 18. Estructura canónica de variables discriminantes canónicas definidas a partir de genotipos de guayabo.

Variable	Coeficiente canónico	
	Can 1	Can 2
Longitud del pecíolo hoja chica	-0.193	0.209
Longitud del pecíolo hoja grande	-0.154	0.107
Angulo 3ª nervadura hoja chica	0.329	0.615
Angulo 3ª nervadura hoja grande	0.271	0.631
Angulo 5ª nervadura hoja chica	0.395	0.301
Angulo 5ª nervadura hoja grande	0.185	0.839
Forma de la hoja chica	0.006	-0.861
Forma de la hoja grande	-0.165	-0.033
Curva sección transversal hoja chica	0.454	-0.340
Curva sección transversal hoja grande	-0.180	-0.247

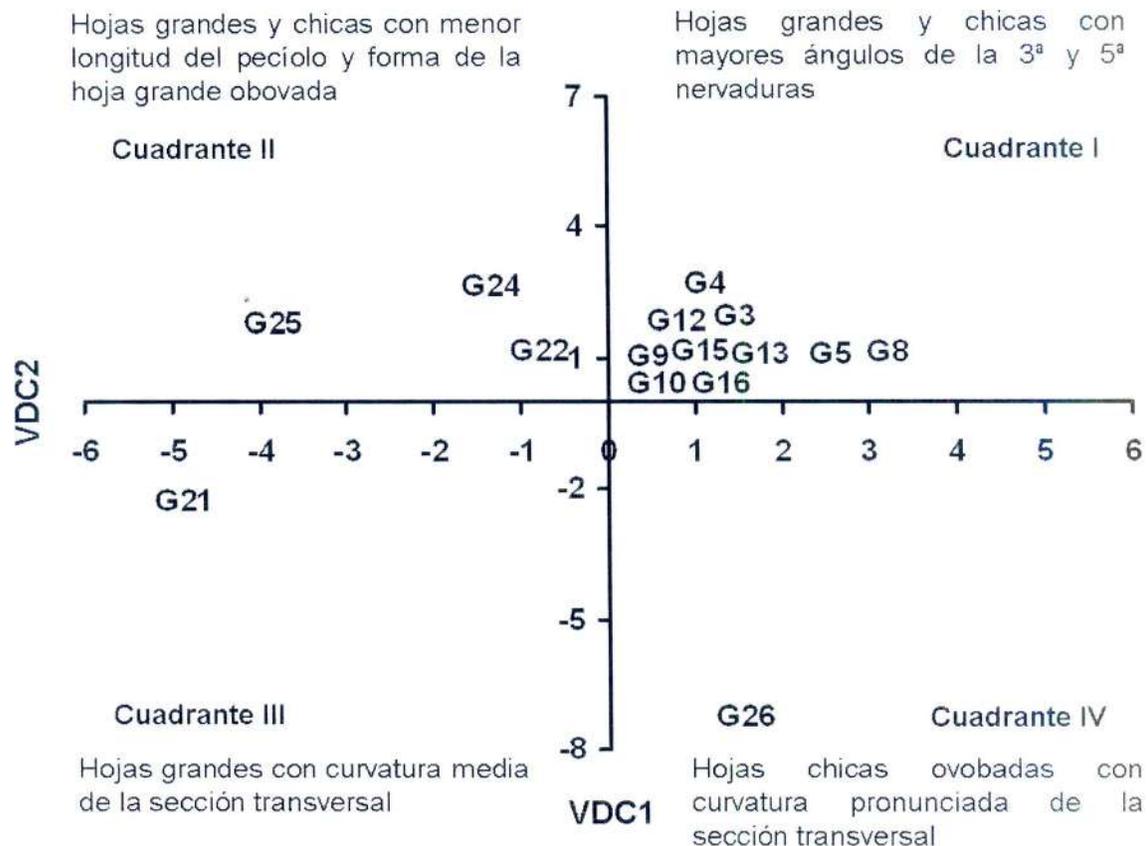


FIGURA 13. Representación gráfica de variables discriminantes para medias de quince genotipos de guayabo. Donde: G3: NAY3, G4: NAY4, G5: NAY5, G8: PAL8, G9: MOR9, G10: MOR10, G12: CHI12A, G13: TAM13, G15: SASS15, G16: SASS16, G21: CZAC21, G22: JROS22, G24: CHI24, G25: RMICH25, G26: TTAM26.

Las distancias estadísticas generalizadas entre los centroides de grupos (Cuadro 19) fueron significativamente diferentes de cero, por lo que el análisis discriminante fue efectivo para agrupar a los genotipos evaluados, que en la mayoría de los casos coincidieron con el lugar de origen, por lo que se considera que la agrupación realizada es aceptable. Adicionalmente, las variables que tuvieron mayor peso en el agrupamiento realizado por el análisis discriminante canónico presentaron coeficientes de variación aceptables (Cuadro 20).

CUADRO 19. Distancias estadísticas generalizadas al cuadrado entre centroides de grupos.

Grupo	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10	G11	G12	G13	G14	G15
G1	153.89**	285.39**	151.84**	176.93**	63.34**	22.80**	129.18**	88.78**	160.91**	182.71**	98.04**	313.46**	178.60**	302.28**
G2		61.97**	8.91**	26.02**	53.75**	116.12**	108.49**	13.94**	47.41**	18.84**	98.13**	97.04**	49.76**	63.97**
G3			79.66**	29.87**	138.87**	257.73**	102.08**	87.04**	41.61**	61.64**	274.57**	67.57**	30.65**	125.28**
G4				35.40**	67.05**	125.15**	125.20**	21.65**	64.53**	15.94**	92.62**	99.70**	50.60**	66.87**
G5					66.43**	165.79**	80.20**	27.76**	41.30**	18.41**	162.44**	75.21**	36.92**	102.81**
G6						44.23**	67.17**	28.79**	53.98**	77.33**	62.97**	194.76**	100.97**	181.27**
G7							119.75**	76.00**	130.24**	173.93**	67.09**	330.00**	158.83**	274.39**
G8								90.20**	30.21**	136.56**	202.88**	196.74**	57.59**	278.42**
G9									52.70**	27.69**	72.82**	114.77**	59.51**	94.60**
G10										73.51**	172.83**	117.40**	27.91**	160.45**
G11											133.34**	58.38**	64.98**	59.48**
G12												305.29**	202.57**	206.29**
G13													108.44**	67.27**
G14														154.10**

** Significancia con $\alpha \leq 0.01$

CUADRO 20. Análisis univariado de las variables morfológicas utilizadas en el análisis discriminante canónico.

Grupo	Variable									
	LPCH	LPGR	A3NCH	A3NGR	A5NCH	A5NGR	FORCH	FORGR	CUSTCH	CUSTGR
G1	0.350	0.420	65.83	83.36	73.77	77.75	3.00	3.00	7.00	5.00
G2	0.581	0.645	65.24	56.55	64.75	62.68	2.46	3.00	6.85	6.08
G3	0.661	0.650	57.22	57.84	50.12	59.28	3.00	3.00	6.14	5.00
G4	0.548	0.580	63.42	54.72	65.41	67.79	2.91	2.91	7.00	6.27
G5	0.706	0.727	55.83	61.25	60.64	63.09	3.00	2.92	6.17	6.50
G6	0.645	0.654	66.78	68.77	71.75	66.16	3.00	2.00	5.00	5.00
G7	0.468	0.483	75.99	77.85	74.53	73.95	2.67	3.00	7.00	5.00
G8	0.555	0.645	67.67	75.27	58.33	70.25	2.50	3.00	4.00	7.00
G9	0.514	0.675	61.92	64.36	66.84	66.09	2.85	3.00	6.85	5.77
G10	0.532	0.617	67.27	64.22	57.10	63.38	3.00	2.33	5.00	5.33
G11	0.627	0.606	54.47	54.44	64.69	63.43	2.70	2.50	6.60	5.80
G12	0.529	0.789	72.31	61.42	79.84	74.87	2.75	3.00	5.00	4.75
G13	0.384	0.472	45.20	51.69	52.30	55.10	2.75	3.00	5.75	5.50
G14	0.508	0.532	63.58	64.36	53.11	70.61	3.00	3.33	7.00	5.67
G15	0.501	0.537	55.38	44.59	61.50	51.24	3.37	3.75	7.00	6.00
C V (%)	13.8	12.0	4.4	4.4	3.5	4.1	15.5	15.2	10.9	15.3

LPCH: Longitud del peciolo hoja chica, LPGR: Longitud del peciolo hoja grande, A3NCH: Ángulo de la 3ª nervadura hoja chica, A3NGR: Ángulo de la 3ª nervadura hoja grande, A5NCH: Ángulo de la 5ª nervadura hoja chica, A5NGR: Ángulo de la 5ª nervadura hoja grande, FORCH: Forma de la hoja chica, FORGR: Forma de la hoja grande, CUSTCH: Curvatura de la sección transversal hoja chica, CUSTGR: Curvatura de la sección transversal hoja grande. CV: Coeficiente de variación

4. 3. Agrupamiento de genotipos por caracteres morfológicos

Después de la discriminación de grupos con base en las diez características morfológicas seleccionadas, se hizo un análisis de agrupamiento con el método de Ward el cual asigna distancias de manera que resulten en un incremento mínimo de la suma de cuadrados dentro de grupos, que a su vez se obtiene de sumar las distancias euclidianas al cuadrado entre cada observación y el centroide del grupo resultante (Johnson, 2000).

En el dendrograma de la Figura 14, se puede observar que se forman siete grupos, lo cual coincide con el número de grupos predichos en el análisis de agrupamiento (Figuras 10 y 11) considerando todas las repeticiones, en donde en el grupo I se encuentran los genotipos NAY3, NAY4 y NAY5 procedentes de Nayarit, el grupo II está conformado por el genotipo Brasileño PAL8; el grupo III

contiene a los genotipos SASS15 y SASS16; mientras que el grupo IV engloba a los genotipos MOR9, MOR10, CZAC21 y RMICH25 procedentes de Morelos, Zacatecas y Michoacán, respectivamente; el grupo V incluye los genotipos CHI24 de Chiapas y TAM13 de Tamaulipas; el grupo VI estuvo formado por los genotipos CHI12A de Chiapas y TTAM26 de Tamaulipas; finalmente, el genotipo JROS22 de Michoacán formó el grupo VII.

Los grupos I, III y IV incluyeron genotipos procedentes del mismo lugar de origen, lo que indica que poseen características morfológicas semejantes. No obstante, el grupo IV además de incluir los genotipos MOR9 y MOR10 agrupa genotipos procedentes de otros estados de la República, lo cual sugiere que pudo haber existido intercambio de material genético entre distintas regiones del país. Los grupos V y VI fueron los que presentaron un menor grado de concordancia en relación al lugar de origen de los genotipos agrupados los cuales curiosamente contienen ambos genotipos de Chiapas y Tamaulipas, nuevamente estos resultados sugieren la existencia de intercambio de genotipos de una región a otra, por lo cual podrían tratarse incluso de los mismos genotipos con nombres distintos debido a su procedencia. El material brasileño PAL8 y el JROS22 de Michoacán fueron morfológicamente muy distintos al resto de los genotipos evaluados, por lo que formaron grupos individuales (II y VII, respectivamente).

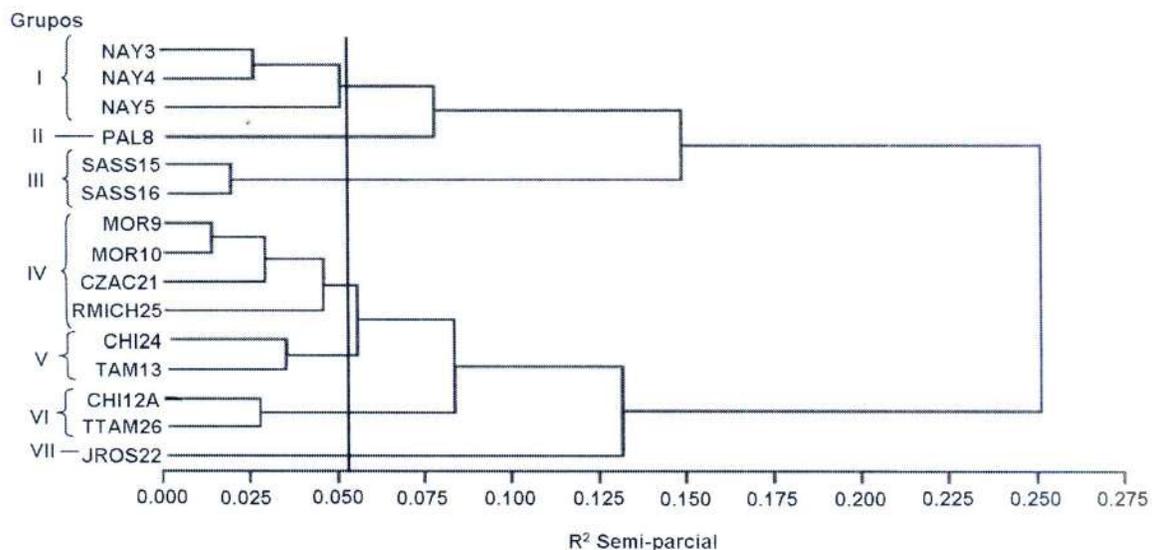


FIGURA 14. Dendrograma de 15 genotipos de guayabo a partir de caracteres morfológicos construido mediante el método de agrupamiento de Ward usando la R^2 semi-parcial calculada a partir de distancias euclidianas.

4.4. Análisis de agrupamiento entre caracteres morfológicos vs. moleculares

Los dendrogramas generados a partir de caracteres morfológicos (Figura 14) y marcadores moleculares (Figura 15) muestran gran similitud en los agrupamientos dado que ambos forman siete grupos en general y tres grupos bien diferenciados según el origen de los genotipos, de los cuales podemos mencionar los genotipos brasileños SASS15 y SASS16; los de Morelos: MOR9 y MOR10 y los genotipos NAY3 y NAY4 de Nayarit. Aunque se nota que en el dendrograma construido con datos morfológicos (Figura 14) los tres genotipos de Nayarit formaron un sólo grupo, mientras que en el dendrograma construido con datos RAPD (Figura 15), el genotipo NAY5 formó un grupo aparte con el PAL8 de Brasil. Estos resultados sugieren que dichos genotipos comparten

información genética probablemente debido a intercambio de materiales hechos por el hombre.

Tanto en el dendrograma morfológico como en el molecular, se observa que la mayoría de los genotipos tendieron a agrupar con genotipos del mismo lugar de origen. También, se puede observar en las Figuras 14 y 15 que genotipos procedentes de Tamaulipas y Chiapas formaron un grupo, esto probablemente debido a que comparten cierto grado de información genética que los hace molecularmente muy parecidos y que además se expresan morfológicamente de manera muy similar.

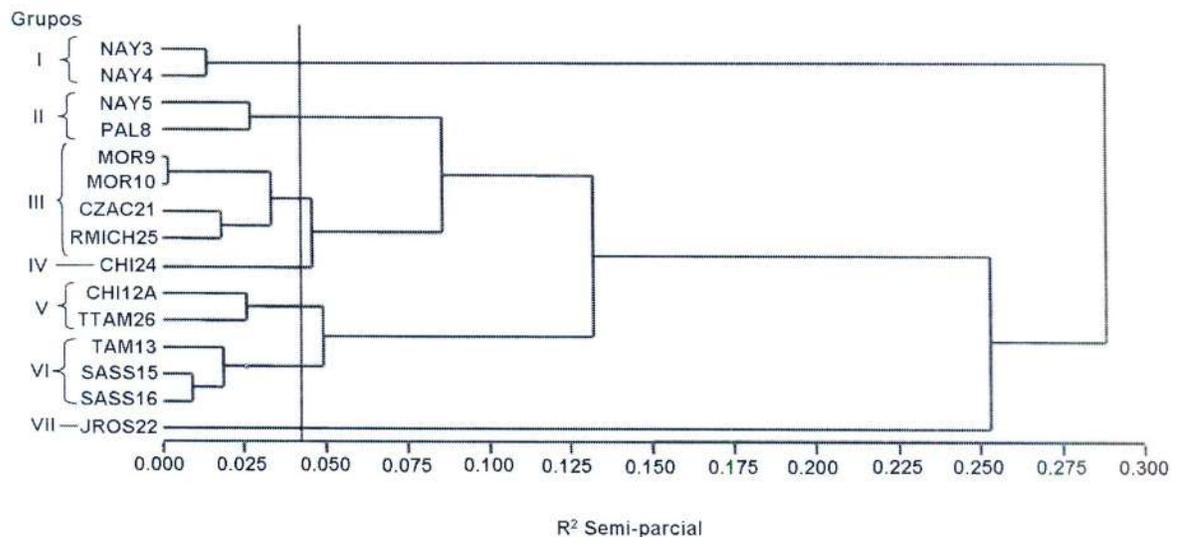


FIGURA 15. Dendrograma construido mediante el método de agrupamiento de Ward usando la R^2 semi-parcial y a partir de la distancia de Nei72 generada por patrones de bandas RAPD obtenido para 15 genotipos de guayabo. Genotipos procedentes de Nayarit (NAY3, NAY4 y NAY5), Morelos (MOR9 y MOR10), Chiapas (CHI12A y CHI24), Tamaulipas (TAM13 y TTAM26), Michoacán (JROS22 y RMICH25), Zacatecas (CZAC21) y Brasil (PAL8, SASS15 y SASS16).

Aún cuando las relaciones genéticas determinadas a partir de marcadores moleculares deben ser más confiables debido a que no interactúan con el ambiente, los resultados obtenidos en el presente estudio demostraron que los caracteres morfológicos evaluados generaron agrupamientos semejantes a los marcadores moleculares, por lo que en este caso resultaron ser igualmente confiables.

4. 5. Correlación, análisis de varianza y comparación de medias para las variables morfológicas analizadas

Con el propósito de identificar los caracteres altamente correlacionados y obtener variables que tengan más influencia en la diferenciación de genotipos, se realizó un análisis de correlación de las 40 variables evaluadas y se encontró que 30 de ellas fueron las que tuvieron mayores correlaciones mostrando así su dependencia, que no es nada deseable para ser un buen descriptor al detectar o describir el mismo tipo de información (Cuadro A2 del Anexo). De esa correlación de 40 variables, sólo se seleccionaron 10 de ellas: longitud del pecíolo hoja chica (LPCH); longitud del pecíolo hoja grande (LPGR); ángulo 3^a nervadura hoja chica (A3NCH); ángulo 3^a nervadura hoja grande (A3NGR); ángulo 5^a nervadura hoja chica (A5NCH); ángulo 5^a nervadura hoja grande (A5NGR); forma de la hoja chica (FORCH); forma de la hoja grande (FORGR); curvatura de la sección transversal hoja chica (CUSTCH); curvatura de la sección transversal hoja grande (CUSTGR).

El criterio de selección fue elegir aquellas variables que aportaran más variabilidad y sentido biológico. Con estas nuevas variables se realizó otro análisis de correlación de caracteres (Cuadro 21).

Los coeficientes de correlación (Cuadro 21) entre las variables morfológicas seleccionadas para caracterizar la variación entre genotipos mostraron asociaciones positivas y significativas entre las variables LPCH con LPGR, A3NCH con A3NGR, A5NCH y A5NGR, A5NCH con A5NGR y FORCH con CUSTCH.

El análisis de varianza para los 15 genotipos de guayabo (Cuadro 22) indicó diferencias significativas entre genotipos para las variables LPCH, LPGR, A5NGR, FORGR y CUSTGR.

En la prueba de comparación de medias de Tukey (Cuadro 23), se observaron diferencias entre genotipos para la variable LPCH en donde los genotipos SASS15 y JROS22 presentaron una mayor longitud del pecíolo que el resto de los genotipos evaluados, mientras que el genotipo NAY4 sobresalió estadísticamente para la variable longitud del pecíolo en hoja grande (LPGR). Para la variable A3NCH no se observaron diferencias estadísticas, mientras que en la variable A3NGR el genotipo CZAC21 fue el que presentó un mayor ángulo. Para la variable A5NCH y A5NGR los genotipos con mayores ángulos fueron NAY4 y CHI12A, respectivamente. En lo que se refiere a las variables FORCH y FORGR, el genotipo PAL8 presentó hojas chicas ligeramente

lanceoladas mientras que las hojas grandes de NAY3 tendieron a tener también esta forma de hoja. En la variable CUSTCH los genotipos NAY5, PAL8 y CHI24 presentaron una curvatura fuerte de la sección transversal, mientras que para la variable CUSTGR los genotipos MOR10 y JROS22 fueron los que presentaron una mayor curvatura en sus hojas grandes.

CUADRO 21. Correlaciones entre las diez variables morfológicas seleccionadas para caracterizar 15 genotipos de guayabo.

Variable	LPCH	LPGR	A3NCH	A3NGR	A5NCH	A5NGR	FORCH	FORGR	CUSTCH	CUSTGR
LPCH	1.000	0.370**	-0.017	-0.089	0.081	-0.121	0.044	-0.072	0.059	0.013
LPGR		1.000	0.076	-0.198*	0.103	-0.080	-0.008	-0.055	-0.007	0.028
A3NCH			1.000	0.265**	0.625**	0.260**	-0.223*	-0.082	-0.299**	-0.149
A3NGR				1.000	0.278**	0.651**	-0.122	-0.089	-0.175	-0.203*
A5NCH					1.000	0.271**	0.016	-0.203*	-0.144	-0.229*
A5NGR						1.000	-0.185*	-0.131	-0.185*	-0.084
FORCH							1.000	0.107	0.308**	0.110
FORGR								1.000	0.177	0.164
CUSTCH									1.000	0.099
CUSTGR										1.000

LPCH: Longitud del peciolo hoja chica; LPGR: Longitud del peciolo hoja grande; A3NCH: Angulo 3ª Nervadura hoja chica; A3NGR: Angulo 3ª Nervadura hoja grande; A5NCH: Angulo 5ª Nervadura hoja chica; A5NGR: Angulo 5ª Nervadura hoja grande; FORCH: Forma de la hoja chica; FORGR: Forma de la hoja grande; CUSTCH: Curva sección transversal hoja chica; CUSTGR: Curva sección transversal hoja grande. Diferencia significativa con $\alpha \leq 0.05^*$ y $\alpha \leq 0.01^{**}$

CUADRO 22. Análisis de varianza de las 10 variables seleccionadas en los 15 genotipos de guayabo.

FV	GL	Variable									
		LPCH	LPGR	A3NCH	A3NGR	A5NCH	A5NGR	FORCH	FORGR	CUSTCH	CUSTGR
GENOTIPOS	14	0.0195**	0.0235**	85.68	101.03	66.64	74.75*	0.33	0.68**	1.48	2.13**
ERROR	90	0.0067	0.0088	68.86	61.25	49.97	40.25	0.29	0.16	0.89	0.68
TOTAL	119										
CV (%)		15.13	15.31	13.41	12.83	11.23	9.99	18.81	13.99	15.23	15.01

LPCH: Longitud del peciolo hoja chica; **LPGR:** Longitud del peciolo hoja grande; **A3NCH:** Angulo 3ª Nervadura hoja chica; **A3NGR:** Angulo 3ª Nervadura hoja grande; **A5NCH:** Angulo 5ª Nervadura hoja chica; **A5NGR:** Angulo 5ª Nervadura hoja grande; **FORCH:** Forma de la hoja chica; **FORGR:** Forma de la hoja grande; **CUSTCH:** Curva sección transversal hoja chica; **CUSTGR:** Curva sección transversal hoja grande. FV= Fuente de variación, GL: Grados de libertad, CV: Coeficiente de variación. Diferencia significativa con $\alpha \leq 0.05^*$ y $\alpha \leq 0.01^{**}$

CUADRO 23. Comparación de medias[†] con la prueba de Tukey de las variables morfológicas seleccionadas para caracterizar genotipos de guayabo.

Genotipo	Variable									
	LPCH	LPGR	A3NCH	A3NGR	A5NCH	A5NGR	FORCH	FORGR	CUSTCH	CUSTGR
NAY3	0.54 ^{bcd}	0.60 ^{cdef}	64.10 ^a	70.15 ^{ab}	61.26 ^{abc}	66.94 ^{ab}	2.75 ^{ab}	3.50 ^a	4.75 ^b	5.50 ^{abc}
NAY4	0.53 ^{bcd}	0.78 ^a	69.81 ^a	60.79 ^{abc}	72.46 ^a	64.74 ^{abc}	2.75 ^{ab}	3.12 ^{ab}	5.75 ^{ab}	4.75 ^c
NAY5	0.44 ^{de}	0.67 ^{cdef}	61.41 ^{ab}	64.00 ^{abc}	63.20 ^{abc}	66.58 ^{ab}	3.00 ^{ab}	2.87 ^{abc}	7.00 ^a	5.00 ^{bc}
PAL8	0.53 ^{bcd}	0.54 ^{def}	57.62 ^{ab}	58.33 ^{bc}	59.37 ^{bc}	54.48 ^{bc}	3.37 ^a	3.00 ^{abc}	7.00 ^a	5.75 ^{abc}
MOR9	0.59 ^{bc}	0.77 ^{ab}	63.02 ^{ab}	60.39 ^{abc}	63.37 ^{abc}	59.90 ^{abc}	3.00 ^{ab}	3.00 ^{abc}	6.25 ^{ab}	5.00 ^{bc}
MOR10	0.51 ^{bcd}	0.55 ^{def}	60.11 ^{ab}	60.99 ^{abc}	62.95 ^{abc}	66.76 ^{ab}	3.00 ^{ab}	2.62 ^{bc}	5.75 ^{ab}	6.75 ^a
CHI12A	0.49 ^{cde}	0.56 ^{def}	65.27 ^a	62.69 ^{abc}	68.17 ^{ab}	69.60 ^a	2.50 ^{ab}	2.62 ^{bc}	6.25 ^{ab}	5.70 ^{abc}
TAM13	0.53 ^{bcd}	0.53 ^{def}	67.13 ^a	62.93 ^{abc}	61.29 ^{abc}	65.95 ^{ab}	3.25 ^{ab}	2.37 ^c	6.50 ^a	5.50 ^{abc}
SASS15	0.75 ^a	0.75 ^{abc}	62.40 ^{ab}	55.66 ^c	66.12 ^{ab}	61.97 ^{abc}	3.00 ^{ab}	2.87 ^{abc}	6.75 ^a	6.25 ^{ab}
SASS16	0.53 ^{bcd}	0.65 ^{abcd}	63.45 ^{ab}	58.99 ^{bc}	62.96 ^{abc}	63.81 ^{abc}	2.50 ^{ab}	2.87 ^{abc}	5.75 ^{ab}	6.25 ^{ab}
CZAC21	0.44 ^{de}	0.46 ^f	69.45 ^a	72.97 ^a	67.21 ^{ab}	67.65 ^{ab}	2.37 ^b	2.75 ^{bc}	5.75 ^{ab}	5.00 ^{bc}
JROS22	0.63 ^a	0.62 ^{acde}	56.56 ^{ab}	56.54 ^{bc}	62.19 ^{abc}	63.34 ^{abc}	3.00 ^{ab}	3.00 ^{abc}	6.50 ^a	6.75 ^a
CHI24	0.59 ^{bc}	0.63 ^{acde}	60.68 ^{ab}	59.62 ^{abc}	64.134 ^{ab}	63.459 ^{abc}	3.00 ^{ab}	3.00 ^{abc}	7.00 ^a	5.00 ^{bc}
RMICH25	0.60 ^{bc}	0.63 ^{acde}	57.63 ^{ab}	57.86 ^{bc}	58.268 ^{bc}	57.759 ^{bc}	3.00 ^{ab}	3.00 ^{abc}	6.25 ^{ab}	4.75 ^c
TTAM26	0.36 ^e	0.48 ^{ef}	49.44 ^{ab}	52.56 ^c	51.296 ^c	59.353 ^{abc}	2.75 ^{ab}	3.00 ^{abc}	6.00 ^{ab}	5.50 ^{abc}
DMSH	0.14	0.16	14.47	13.65	12.33	11.06	0.96	0.71	1.65	1.46

[†] Medias con la misma letra dentro de columnas son estadísticamente iguales, (Tukey, $\alpha=0.05$).

LPCH: Longitud del peciolo hoja chica; **LPGR:** Longitud del peciolo hoja grande; **A3NCH:** Angulo 3^a Nervadura hoja chica; **A3NGR:** Angulo 3^a Nervadura hoja grande; **A5NCH:** Angulo 5^a Nervadura hoja chica; **A5NGR:** Angulo 5^a Nervadura hoja grande; **FORCH:** Forma de la hoja chica; **FORGR:** Forma de la hoja grande; **CUSTCH:** Curva sección transversal hoja chica; **CUSTGR:** Curva sección transversal hoja grande. DMSH: Diferencia mínima significativa.

V. CONCLUSIONES

1. Se detectó variabilidad genética entre los materiales evaluados.
2. La mayoría de los genotipos procedentes de la misma región tendieron a agruparse, mientras que algunos formaron parte de otros grupos.
3. Las variables morfológicas y los marcadores RAPD permitieron diferenciar a los genotipos de guayabo.
4. Los agrupamientos de genotipos resultantes de la caracterización molecular y morfológica, fueron muy similares, por lo que en el presente estudio ambos criterios resultaron igualmente confiables.

VI. LITERATURA CITADA

- ANDRÉS, A. J.; NIETO, A. R.; BARRIENTOS, P. A. F.; MARTÍNEZ, D. M. T.; GONZÁLEZ, A. F.; SEGURA, L. S. D.; CRUZ, C. J. G.; GALLEGOS, V. C. 2004. Variación morfológica de la hoja del chirimoyo. *Revista Chapingo Serie Horticultura*. 10 (2): 103-110.
- BOWLEY, R. S. 1999. *A Hitchhiker's Guide to Statistics in Plant Biology*. Edit. Ampersand Printing. Guelph, Ontario, Canada. pp: 193-221.
- CONABIO. 2005. *Psidium guajava* L. Publicado In: *Species Plantarum* 1: 470 www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/52-myrt3m.pdf (Fecha de consulta: octubre de 2005).
- CONSUMER. 2005. Frutas. Guayaba: Propiedades nutritivas. www.frutas.consumer.es/documentos/tropicales/guayaba/intro.php (Fecha de consulta: octubre de 2005).
- DE LA CRUZ, M.; RAMÍREZ, F.; HERNÁNDEZ, H. 1997. DNA isolation and amplification from cacti. *Plant Molecular Biology Report* 15: 319-325.
- DOMÍNGUEZ, A. J. L.; LEGARIA, S. J. P.; NIETO, A. R.; BARRIENTOS, P. A. F.; PINEDA, P. J. 2005. Variabilidad genética según RAPD's de árboles de guayabo 'Media China' procedentes de cuatro plantaciones y su respuesta morfológica a baja disponibilidad de nutrimentos. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 11 (2): 329-343.
- DREW, R. A. 1997. The application of biotechnology to the conservation and improvement of tropical and subtropical fruit species. FAO Consultant. www.fao.org/ag/agp/agps/pgr/drew1.htm#sub52.8 (Fecha de consulta: abril del 2004).
- GONZÁLEZ, G. E.; PADILLA, R. J. S.; REYES, M. L.; PERALES, DE LA C. M. A.; ESQUIVEL, V. F. 2002. Guayaba: su cultivo en México. Libro Técnico No. 1. Campo Experimental Pabellón. INIFAP-SAGARPA, Pabellón, México. 182p.
- HAMPL, V.; PAVLÍČEK, A.; FLEGR, J. 2001. Construction and bootstrap analysis of DNA fingerprinting-based phylogenetic trees with the freeware program FreeTree: application to trichomonad parasites. *International Journal of Systematic Evolutionary Microbiology*. 51: 731-735.
- HERNÁNDEZ, D. S.; MARTÍNEZ DE L. J.; PADILLA, R. J. S.; MAYEK, P. N. 2003. Diversidad genética de *Psidium* sp en la Región Calvillo-Cañones, México. In: *Memorias. Primer Simposio Internacional de la*

Guayaba. PADILLA, R. J. S.; REYES, M. L.; GONZÁLEZ, G. E.; PERALES DE LA C. M. A. (Eds). Aguascalientes, México. pp: 71-83.

- JOHNSON, D. E. 2000. Métodos Multivariados Aplicados al Análisis de Datos. Internacional Thompson Editores S. A. de C. V. México. 566 p.
- KARP, A.; EDWARDS, K. J. 1995. Molecular techniques in the análisis of the extent and distribution of genetic diversity. *In: Molecular Genetics Techniques for Plant Genetic Resources*. AYAD, W. G; HODGKIN, T; JARADAT, A.; FAO. V. R. (Eds). IPGRI. Roma, Italia. pp: 11-22.
- LAKSMINARAYANA, S; MORENO, M. A. 1978. Estudio preliminar para determinar la existencia de las variaciones en guayaba mexicana. *Revista Chapingo* 10: 37-47.
- LARA, R. E. A. 1983. Monografía el cultivo del guayabo (*Psidium guajava* L.). Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 150 p.
- MARTÍNEZ, DE L. J.; BARRIENTOS, L. M. C.; REYES, DE A. A. C.; HERNÁNDEZ, D. S.; PADILLA, R. J. S.; MAYEK, P. N. 2004. Diversidad fenotípica y genética en huertas de guayabo de Calvillo, Aguascalientes. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 27 (3): 243-249.
- MORTON, J. 1987. Guava. *In: Fruits of Warm Climates*. Miami, FL. pp: 356–363.
- NAKASONE, H. Y; PAUL, R. E. 1998. Guava. *In: Tropical Fruits*. ATHERTON. J (Eds). Crop Production Science in Horticulture Series. CAB International. Honolulu, Hi, USA. pp: 149-172.
- NEI, M. 1972. Genetic distance between populations. *In: NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System (version 2. 1)*. ROHLF, F. J. 1992. State University of New York, New York.
- NUEZ. F; CARRILLO, J. M; DE RON, A. M. 2000. Introducción. *In: Los Marcadores Genéticos en la Mejora Vegetal*. NUEZ. F.; CARRILLO. J. M. (Eds). Editorial. Universidad Politécnica de Valencia, España. pp: 3-22.
- PADILLA, R. J. S.; GONZÁLEZ, G. E.; REYES, M. L.; PERALES DE LA C. M. A.; MERCADO, S. E. M.; MAYEK, P. N. 2003. Caracterización de germoplasma de guayabo de la Región Calvillo-Cañones. *In: Memorias. Primer Simposio Internacional de la Guayaba*. PADILLA, R. J. S.; REYES, M. L.; GONZÁLEZ, G. E.; PERALES DE LA C. M. A. (Eds). Aguascalientes, México. pp: 54-70.

- PADILLA, R. J. S.; GONZÁLEZ, G. E.; ESQUIVEL, V. F.; MERCADO, S. E.; HERNÁNDEZ, D. S.; MAYEK, P. N. 2002. Caracterización de germoplasma sobresaliente de guayabo de la región Calvillo-Cañones, México. *Revista Fitotecnia Mexicana* 25 (4): 393-399.
- PAGE, R. D. M. 1996. TREE VIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* 12: 357-358.
- PENNINGTON, T. D.; SARUKHAN, J. 1968. Árboles Tropicales de México. INIF, México. pp: 328-331.
- PICCA, A.; HELGUERA, M.; SALOMÓN, N.; CARRERA, A. 2002. Marcadores moleculares. *In: Biotecnología y mejoramiento vegetal*. ECHENIQUE, V.; RUBINSTEIN, C.; MROGINSKI, L. (Eds). INTA, Rivadavia. Buenos Aires, Argentina. pp: 61-68.
- PRAKASH, D. P.; NARAYANASWAMY, P.; SONDUR, S. N. 2002. Analysis of molecular diversity in guava using RAPD markers. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*. 77 (3): 287-293.
- PURSEGLOVE, J. W. 1969. Tropical crops: Dicotyledons. Ed. Longmans. London. pp. 414-419.
- ROHLF, F. J. 1992. NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System (version 2. 1). State University of New York, New York.
- SAGARPA. 2004. Sistema de Información Agropecuaria de Consulta. Versión 1.1 SAGARPA.
- SAMSON, J. A. 1986. Tropical Fruits. Edit. Longman. New York. pp: 270-275.
- SANABRIA, O. H. L.; GARCÍA, A. M.; MUÑOZ, E. J. 2005. Caracterización morfológica en árboles nativos de guayaba en el Valle de Cauca. Artículo derivado de la tesis de Maestría en Ciencias. *Acta agronómica* 54 (4)
- SAS. 1999. Statistics Analysis System for windows version 8th. SAS institute, Inc. Cary, N.C. USA
- SOKAL, R. R.; SNEATH, P. H. A. 1963. Principles of numerical taxonomy. Freeman. San Francisco. 359 p.
- TONG, K. L.; KHAY, CH. K. 1990. Guava in Malaysia, production, pests and diseases. Ed. Tropical Press SDN. BHD. Kuala Lumpur, Malaysia. pp: 1-50.

- UPOV. 1987. Guidelines for the conduct of tests for distinctness, homogeneity and stability. Guava (*Psidium guajava* L.), Geneva, Switzerland. 27p.
- VAVILOV, N. L. 1931. México y Centroamérica como centro básico de origen de las plantas cultivadas del nuevo mundo. Traducido al español por GRIBOVSKAIA. E.; ORTEGA, P. R. (Eds). Revista de Geografía Agrícola 1994 20: 15-34.
- WILCOX. D.; DOVE. B.; Mc DAVID. D.; GREER. D. 2002. Image Tool for windows ver. 3.0. University of Texas Health Science Center in San Antonio, USA.
- WILLIAMS, G. K. J.; KUBELIK, R. A.; LIVAK, J. K.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, V. S. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acid Res. 18: 6531-6535.
- YADAVA, U. L. 1996. Guava production in Georgia under cold-protection structure. *In*: Progress in new crops. JANICK. J. (Ed). ASHS Press, Arlington, VA: pp: 451-457.

VII. ANEXO

CUADRO A1. Vectores propios de 16 componentes principales (CP) procedentes de patrones de bandas RAPD de 17 genotipos de guayabo.

Banda	Peso molecular (pb)	Componente Principal															
		CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16
A02-2	1325	0.1513	0.0776	0.4376	0.6255	0.1225	0.0223	-0.1397	0.1388	0.2937	0.1384	-0.0108	-0.3077	-0.2390	0.2371	0.1424	0.0150
A02-3	1260	-0.1626	0.3727	0.5045	0.3617	-0.0387	0.0871	-0.2456	0.2576	0.3250	0.1670	-0.0895	-0.2961	-0.0829	-0.0953	0.2596	0.0332
A02-4	1130	-0.1635	0.1236	0.1001	0.3047	0.0112	0.2003	0.3740	0.1479	-0.0333	0.6960	0.2678	0.2399	-0.1821	-0.0641	0.0307	-0.0150
A04-1	2500	-0.2878	0.1113	0.0030	-0.4735	-0.5268	0.1935	-0.3474	0.3332	-0.0405	0.1232	-0.0810	-0.1421	-0.1177	-0.2442	0.0585	0.1162
A04-2	2300	-0.3484	0.1312	0.0779	0.0518	-0.5642	-0.2578	-0.5196	-0.1439	0.1725	0.0118	-0.1933	0.3239	-0.0478	-0.0169	0.0197	0.0454
A04-3	2200	-0.4153	-0.1240	0.6961	-0.1342	-0.3909	0.0152	-0.2131	-0.2463	0.0850	-0.1635	-0.0513	-0.0316	-0.0407	-0.0996	-0.0282	0.0227
A04-4	2100	-0.2100	-0.1421	0.3436	-0.1420	-0.0294	0.3278	0.2599	-0.3880	-0.6071	-0.1932	-0.1735	0.0431	0.0967	0.1447	0.0551	0.0003
A04-5	1950	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
A04-7	1618	0.0544	0.5195	-0.1415	0.2895	0.3281	-0.4423	0.1069	0.1637	-0.2311	0.0604	-0.0228	0.2384	-0.1352	-0.1600	-0.1198	0.3305
A04-8	1585	-0.5267	0.1042	0.0310	0.2304	-0.0723	-0.0153	-0.4304	-0.1543	-0.2767	-0.2649	-0.4351	0.1193	-0.1733	-0.2266	-0.0711	0.0802
A04-9	1553	0.3781	-0.5147	-0.1391	0.0863	-0.1848	0.0560	-0.1226	0.0814	-0.1068	0.0825	0.0860	-0.1667	-0.4489	0.4608	-0.1900	0.0775
A04-12	1260	-0.7974	-0.0778	-0.0810	-0.0227	0.1418	-0.1559	0.1260	-0.0425	0.0928	-0.0189	0.0016	0.1136	0.3534	-0.3471	0.1374	-0.0524
A04-13	1065	-0.2599	0.1778	-0.0571	0.3514	0.0506	-0.7714	-0.2001	0.1129	-0.1718	-0.1704	-0.0985	0.0684	0.1783	0.0835	-0.0980	-0.0479
A04-14	850	-0.5656	0.1787	0.1142	0.1001	-0.0280	0.1127	-0.4212	-0.0449	0.4850	0.2536	0.2086	0.1042	0.0718	0.1990	0.1828	-0.0118
A04-15	670	0.7138	0.6211	0.2500	-0.0552	-0.0094	0.1576	-0.0500	-0.0232	-0.0203	-0.0366	-0.0882	0.0112	-0.0350	0.0145	0.0018	-0.0058
A04-16	560	-0.5243	0.3314	-0.5070	0.0637	-0.0770	-0.3812	-0.1693	0.0713	0.1657	-0.3315	-0.0961	-0.1264	0.0691	-0.0300	-0.0177	0.0245
A04-17	500	-0.1869	-0.3070	0.6925	-0.3710	0.2971	0.1821	0.1520	-0.2597	-0.1122	-0.1003	-0.0893	0.0004	0.0148	0.1018	0.0150	-0.0147
A04-19	300	-0.3384	0.1112	0.2468	0.1532	-0.7183	-0.1357	-0.3831	-0.0748	0.1965	-0.1107	0.0141	-0.0381	-0.0612	-0.2051	-0.0463	0.0395
A05-1	1650	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
A05-2	1585	0.0798	-0.0564	0.2594	0.1548	-0.1467	0.2450	0.3160	0.1383	0.0074	-0.2006	0.3715	-0.6455	-0.0130	-0.3017	-0.1105	-0.0179
A05-3	1445	-0.7791	0.1775	0.1542	0.0448	0.0638	-0.0442	0.3074	0.0417	0.0870	-0.1749	0.1786	-0.3671	-0.0191	-0.1594	-0.0529	-0.0018
A05-5	1358	-0.5455	0.2909	-0.0612	0.4301	-0.2579	0.0835	-0.0007	0.4578	0.2063	-0.0951	0.1762	-0.1502	0.1718	0.0753	0.0539	-0.0526
A05-8	1000	-0.3449	0.2231	0.0146	-0.0249	-0.0533	0.0656	-0.0899	0.6422	-0.3086	0.1473	0.4702	0.1064	-0.1214	-0.1192	0.1560	-0.0103
A05-10	850	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
A05-12	750	-0.5541	-0.5283	-0.0530	0.2418	-0.0028	0.3378	-0.1071	0.2213	0.1684	-0.2025	-0.0141	0.3067	-0.0747	0.0374	0.0832	-0.0244
A05-14	460	-0.1774	0.1560	-0.1274	-0.5473	-0.3751	-0.3116	-0.1101	0.0389	-0.1831	0.3192	0.0194	-0.4186	0.0143	-0.2263	-0.0418	0.1136

CUADRO A1. Continuación.

Banda	Peso molecular (pb)	Componente Principal															
		CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16
A05-16	400	-0.5966	0.0326	0.4165	0.0667	-0.3002	0.1798	0.3617	0.2233	0.3058	-0.1214	-0.0438	-0.0491	0.1576	0.1465	0.0017	-0.0554
A05-17	310	-0.0336	0.2867	0.1033	0.1347	-0.6430	0.0248	0.4299	0.1100	-0.0781	0.0154	-0.0193	-0.3340	0.0306	0.3725	-0.1373	0.0080
A05-18	300	0.3835	0.0325	0.0246	-0.1556	0.6084	0.0540	-0.4345	-0.1163	0.0644	-0.0327	-0.0250	0.3240	-0.0464	-0.3480	0.1318	-0.0105
A05-19	250 *	-0.0329	0.5130	-0.0493	0.0056	-0.4913	-0.2527	0.1515	0.1753	0.2810	-0.2524	-0.1026	-0.3597	0.2798	0.0848	-0.0762	-0.0223
A05-20	210	-0.1635	0.1236	0.1001	0.3047	0.0112	0.2003	0.3740	0.1479	-0.0333	0.6960	0.2678	0.2399	-0.1821	-0.0641	0.0307	-0.0150
A05-21	160	-0.1533	0.1558	-0.1226	-0.5496	-0.3591	-0.4644	0.1300	0.3590	-0.2331	-0.0193	0.2126	-0.1628	0.0279	-0.1291	0.0022	0.0319
A07-2	2750	-0.0687	0.6170	-0.3135	0.3218	0.1324	-0.1073	-0.0941	-0.4896	0.2239	0.1655	0.2173	0.0349	-0.0515	0.0477	0.0648	0.0009
A07-3	2600	-0.2141	0.1097	-0.0155	-0.4487	-0.4345	-0.0966	0.0102	0.6291	-0.1222	-0.2521	0.1730	0.1222	-0.0672	-0.1048	0.0871	0.0090
A07-6	2000	-0.1627	-0.2173	-0.1383	-0.7013	0.0105	0.1197	0.3654	-0.0914	0.0862	-0.2451	0.1724	-0.1645	0.2150	-0.2596	0.1449	-0.0100
A07-7	1685	0.1610	0.5313	0.1237	-0.1629	-0.0299	0.2477	-0.5848	0.2829	-0.2571	0.0009	0.1073	-0.2137	-0.0601	-0.1463	0.1183	0.0583
A07-8	1650	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943	0.1843	-0.1221	0.1374	-0.0630	0.0944	-0.1105	-0.1006	-0.0037	-0.0412	0.0210	0.0124	0.0064
A07-9	1520	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
A07-10	1488	-0.4498	0.0021	0.0660	-0.3868	0.0746	0.6162	0.3140	-0.1431	0.2433	0.1156	0.0748	-0.0761	-0.1885	-0.0767	0.1053	0.0548
A07-13	1293	0.2855	-0.7864	0.3769	-0.2102	0.0857	0.2310	0.0110	-0.1495	-0.1569	0.0077	0.0086	0.0031	0.0425	0.0613	0.0019	-0.0160
A07-14	1195	-0.6344	0.4114	-0.4800	0.2241	-0.0749	-0.2964	0.0156	0.1511	0.1565	0.0117	0.0375	-0.0087	-0.0215	-0.0646	-0.0027	0.0179
A07-18	865	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
A07-19	830	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
A07-21	530	-0.8080	-0.1010	-0.0880	0.0090	0.0562	-0.1963	0.0844	0.0134	0.0312	-0.0381	0.0266	-0.1336	-0.3435	0.3469	-0.1277	0.0673
A07-22	500	-0.5703	0.0578	0.4147	0.0147	0.1006	0.2334	0.0764	0.4394	-0.1044	-0.0671	0.1632	0.0093	0.2170	0.0454	-0.2768	0.2603
A07-23	400	-0.1737	0.1270	-0.4167	0.0385	0.5409	-0.0498	-0.4414	-0.1544	-0.1727	-0.1078	-0.0404	0.3195	-0.3014	-0.1397	0.0787	0.0562
A07-24	395	-0.5541	-0.5283	-0.0530	0.2418	-0.0028	0.3378	-0.1071	0.2213	0.1684	-0.2025	-0.0141	0.3067	-0.0747	0.0374	0.0832	-0.0244
A08-1	1325	-0.0053	0.5352	-0.4252	0.1917	0.4696	0.1996	0.1905	0.3161	0.0824	-0.0700	-0.0688	0.2296	-0.0542	0.1354	0.0883	-0.0351
A08-2	1650	-0.0460	-0.2783	0.6047	-0.3660	0.4363	-0.0785	-0.0518	0.0323	0.4534	0.0559	0.0512	-0.0426	-0.0764	-0.0053	-0.0346	-0.0204
A08-3	880	-0.0467	0.5194	-0.2998	-0.1527	0.1019	0.1427	-0.2207	0.5262	0.0398	-0.2033	-0.2157	0.0084	0.2385	0.2960	0.1553	-0.0153
A08-7	530	-0.2438	-0.1219	0.4438	-0.6131	-0.0661	0.0840	-0.2915	0.2669	0.3015	0.1308	-0.0218	-0.1349	-0.1418	-0.1822	0.0175	0.0700
A08-8	500	0.1869	0.3070	-0.6925	0.3710	-0.2971	-0.1821	-0.1520	0.2597	0.1122	0.1003	0.0893	-0.0004	-0.0148	-0.1018	-0.0150	0.0147
A08-9	400	0.5628	-0.7284	-0.1962	0.0943	-0.1843	0.1221	-0.1374	0.0630	-0.0944	0.1105	0.1006	0.0037	0.0412	-0.0210	-0.0124	-0.0064
A08-10	340	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943	0.1843	-0.1221	0.1374	-0.0630	0.0944	-0.1105	-0.1006	-0.0037	-0.0412	0.0210	0.0124	0.0064
A08-11	295	0.3460	-0.7033	0.0462	-0.0079	-0.1739	0.3055	0.0442	-0.1863	-0.4544	-0.0259	-0.0220	0.0298	0.0945	0.0716	0.0235	-0.0052

CUADRO A1. Continuación.

Banda	Peso molecular (pb)	Componente Principal																
		CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16	
A12-1	628	-0.2878	0.1113	0.0030	-0.4735	-0.5268	0.1935	-0.3474	0.3332	-0.0405	0.1232	-0.0810	-0.1421	-0.1177	-0.2442	0.0585	0.1162	
A12-4	220	0.2795	0.0888	0.2409	0.1151	0.0489	0.3406	0.1791	-0.1005	0.5877	0.2231	0.2537	0.0670	0.3757	-0.0223	0.1410	0.2379	
A18-3	650	-0.0304	-0.0156	-0.5549	-0.0408	0.2220	-0.2018	0.4340	0.1604	-0.0128	0.2157	-0.0762	0.3514	0.2211	-0.2519	-0.3032	-0.0700	
A18-4	530	-0.5174	-0.4820	-0.1649	0.1432	0.0566	0.1228	-0.2274	-0.3689	0.1074	0.3688	-0.1678	-0.2341	0.0068	-0.0841	-0.0457	0.0802	
A18-5	500	-0.0460	-0.2783	0.6047	-0.3660	0.4363	-0.0785	-0.0518	0.0323	0.4534	0.0559	0.0512	-0.0426	-0.0764	-0.0053	-0.0346	-0.0204	
A19-1	250	0.0305	-0.0438	0.2828	0.1378	-0.1270	0.1547	-0.3742	-0.1957	0.0319	0.5538	-0.2051	-0.2898	0.3877	0.3068	0.0392	0.0108	
B01-2	2750	-0.4222	0.0518	0.0673	-0.6131	0.2666	0.0120	-0.3597	-0.1848	-0.2195	0.1657	0.0404	-0.0831	0.2445	0.1885	-0.1552	0.0158	
B01-4	2000	-0.4334	0.0610	-0.1048	-0.6270	0.3770	0.0656	-0.2835	-0.3050	-0.1773	0.0267	0.0224	-0.0408	-0.0212	-0.0597	-0.2070	0.0576	
B01-5	1650	-0.3663	-0.0108	0.2274	-0.5649	0.2598	-0.1832	-0.3982	-0.1439	-0.3778	0.2044	-0.0612	-0.0701	0.0533	0.0610	0.1010	0.0677	
B01-6	1618	-0.0836	0.5906	-0.0152	-0.0985	-0.4904	-0.3091	0.0008	0.0091	0.1077	0.2158	0.2193	0.3214	0.1240	0.1061	-0.2436	-0.0509	
B01-7	1520	-0.4276	0.6298	0.1674	-0.2774	0.0549	-0.0663	0.0157	-0.3199	0.0910	-0.0842	0.3513	0.1487	-0.1108	0.0590	0.1699	-0.0037	
B01-9	1195	-0.1553	0.1376	-0.0332	0.0775	-0.2816	-0.8284	-0.0161	-0.1778	0.0075	-0.1324	0.0815	0.3121	0.1005	0.1284	-0.0403	-0.0511	
B01-10	1163	-0.5417	0.0057	0.6672	0.1481	-0.1234	0.1339	-0.2815	-0.0864	-0.1072	0.1406	0.2445	-0.0175	-0.0983	-0.1263	0.0514	0.0062	
B01-11	1065	-0.5417	0.0057	0.6672	0.1481	-0.1234	0.1339	-0.2815	-0.0864	-0.1072	0.1406	0.2445	-0.0175	-0.0983	-0.1263	0.0514	0.0062	
B01-12	993	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943	0.1843	-0.1221	0.1374	-0.0630	0.0944	-0.1105	-0.1006	-0.0037	-0.0412	0.0210	0.0124	0.0064	
B01-14	850	-0.2141	0.1097	-0.0155	-0.4487	-0.4345	-0.0966	0.0102	0.6291	-0.1222	-0.2521	0.1730	0.1222	-0.0672	-0.1048	0.0871	0.0090	
B01-15	800	-0.1976	0.2984	0.7757	0.1200	-0.1261	0.2063	-0.3011	-0.0961	-0.1153	0.1214	0.1995	-0.0120	-0.1134	-0.1177	0.0515	0.0034	
B01-19	400	-0.5942	0.1254	0.1399	-0.3206	-0.0763	-0.2852	-0.2214	-0.1884	0.0581	-0.2490	0.2100	-0.0480	0.2925	0.3279	0.1759	-0.0366	
B03-1	3350	-0.4439	0.1238	0.0697	-0.2473	-0.2856	0.6205	0.1902	-0.0007	-0.2067	0.3092	0.1232	0.0607	0.1111	0.0592	-0.2139	-0.0016	
B03-2	3050	-0.4439	0.1238	0.0697	-0.2473	-0.2856	0.6205	0.1902	-0.0007	-0.2067	0.3092	0.1232	0.0607	0.1111	0.0592	-0.2139	-0.0016	
B03-4	1325	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058	
B03-6	840	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058	
B04-1	3500	-0.6321	0.1587	-0.1953	-0.4109	0.4642	0.0457	0.2641	0.2021	-0.1081	0.0970	-0.0793	-0.0499	-0.0207	0.0528	0.0768	0.0345	
B04-3	2300	-0.0448	-0.1023	0.1774	0.2759	-0.0132	0.6201	-0.1967	0.2799	0.2103	-0.3139	-0.1075	0.4311	-0.1373	0.0656	0.1157	-0.0393	
B04-4	1488	-0.2865	-0.1949	0.7461	0.1185	-0.1277	-0.0910	-0.0362	-0.4494	0.1138	-0.2440	-0.0102	0.0449	0.0216	0.0285	-0.0627	-0.0401	
B04-6	1325	0.1014	0.0270	0.5097	-0.1567	-0.3608	-0.2820	0.2006	0.0568	0.0550	-0.2538	-0.2447	-0.2754	0.3525	-0.2169	0.2766	-0.0242	
B04-7	1228	-0.7105	-0.1485	0.0352	0.1779	0.0393	0.2168	-0.0500	0.1841	0.1562	-0.2259	-0.0439	0.1531	-0.3750	0.3337	-0.0365	0.0326	
B04-9	993	-0.2531	0.5558	-0.3469	0.2360	-0.2693	-0.0239	0.0857	-0.0271	-0.3148	-0.1057	-0.0752	-0.0944	-0.3132	0.3614	-0.1011	0.0779	
B04-10	880	-0.2680	0.5575	0.1613	0.1040	0.0557	-0.1462	-0.3016	0.0175	0.4028	0.4133	-0.1266	-0.2298	0.1951	0.1571	0.0080	0.0120	

CUADRO A1. Continuación.

Banda	Peso molecular (pb)	Componente Principal															
		CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16
B04-11	830	0.0460	0.2783	-0.6047	0.3660	-0.4363	0.0785	0.0518	-0.0323	-0.4534	-0.0559	-0.0512	0.0426	0.0764	0.0053	0.0346	0.0204
B04-12	670	-0.1891	-0.1292	0.6181	0.2195	-0.1240	-0.3035	-0.2007	-0.2605	0.5014	-0.1522	0.0957	0.0234	-0.0357	-0.0576	-0.1038	-0.0448
B04-13	650	-0.2830	0.5150	-0.0711	-0.4720	0.4934	0.1365	0.2560	0.2043	-0.1274	0.0839	-0.1340	-0.0474	-0.0416	0.0648	0.0835	0.0338
B04-16	410	-0.9162	0.2323	0.0115	-0.0457	0.1616	-0.2004	0.1470	-0.0389	0.0923	-0.0708	-0.0306	-0.0100	-0.0132	0.0088	0.0094	0.0090
B04-17	400	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943	0.1843	-0.1221	0.1374	-0.0630	0.0944	-0.1105	-0.1006	-0.0037	-0.0412	0.0210	0.0124	0.0064
B04-18	310	-0.9162	0.2323	0.0115	-0.0457	0.1616	-0.2004	0.1470	-0.0389	0.0923	-0.0708	-0.0306	-0.0100	-0.0132	0.0088	0.0094	0.0090
B04-19	300	-0.5628	0.7284	0.1962	-0.0943	0.1843	-0.1221	0.1374	-0.0630	0.0944	-0.1105	-0.1006	-0.0037	-0.0412	0.0210	0.0124	0.0064
B05-1	2150	-0.4198	-0.5488	0.0519	0.1389	-0.0151	-0.4051	-0.0046	0.0858	-0.2103	0.0767	-0.0880	0.0148	-0.2690	-0.2080	0.3856	0.0805
B05-2	1685	-0.4007	-0.5474	-0.1442	-0.1531	-0.3493	-0.1518	0.4383	-0.0914	0.2745	0.0889	-0.1861	0.1491	-0.0148	-0.0053	-0.0972	0.0159
B05-3	1618	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
B05-4	1488	0.2135	-0.2348	0.6907	0.1468	-0.4491	0.0832	0.1218	0.3419	-0.0804	0.0053	-0.0842	0.1272	-0.0447	-0.1169	-0.1165	-0.0369
B05-5	1390	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
B05-7	1228	0.1652	-0.1284	0.0526	-0.2648	-0.4877	-0.0503	0.5501	-0.1484	0.3556	0.0852	-0.3430	0.2153	-0.0553	0.0073	-0.1313	0.0159
B05-8	1098	-0.6430	0.1309	0.0212	-0.1883	0.3093	0.0375	-0.1157	-0.1544	-0.1316	0.3066	-0.2003	-0.0576	-0.1073	-0.1546	-0.3444	-0.3009
B05-10	970	-0.4877	-0.2504	-0.6242	0.3076	-0.3118	-0.0578	0.0743	-0.0067	-0.3163	-0.0141	0.0270	0.0229	0.0813	-0.0067	0.0239	0.0191
B05-12	800	-0.5632	0.0475	0.3719	-0.0769	-0.2452	-0.4363	0.2861	0.0706	0.0560	0.1620	-0.2778	0.0705	0.0377	0.1340	0.2600	0.0225
B05-14	660	-0.3046	-0.1499	0.5142	-0.6226	-0.1043	0.0649	0.1232	0.2806	-0.1780	-0.2676	0.0636	0.0931	-0.0398	-0.0023	0.0775	-0.0043
B05-16	635	-0.2966	-0.0433	0.0608	-0.7654	0.1023	-0.3031	0.1213	-0.0826	-0.2178	-0.1233	-0.0891	0.2246	-0.2285	-0.1382	0.0097	0.0662
B05-18	400	-0.3171	-0.2900	0.6045	0.1463	-0.3937	-0.0470	0.1711	0.3360	-0.0568	-0.0195	-0.0634	0.0355	-0.2645	0.1121	-0.1939	0.0081
B06-1	1755	-0.2830	0.5150	-0.0711	-0.4720	0.4934	0.1365	0.2560	0.2043	-0.1274	0.0839	-0.1340	-0.0474	-0.0416	0.0648	0.0835	0.0338
B06-2	1618	-0.3380	0.6892	-0.3134	-0.0899	0.0593	0.0672	0.1903	0.0495	-0.2900	-0.0110	-0.1708	-0.0373	-0.0623	0.0364	0.0846	-0.3614
B06-3	1488	-0.6833	0.3209	-0.4208	-0.0552	0.0601	-0.0188	0.2030	0.0580	-0.2595	0.0087	-0.1135	-0.0405	-0.0400	0.0264	0.0778	-0.3335
B06-4	1390	-0.1652	0.1284	-0.0526	0.2648	0.4877	0.0503	-0.5501	0.1484	-0.3556	-0.0852	0.3430	-0.2153	0.0553	-0.0073	0.1313	-0.0159
B06-5	1325	-0.5178	0.0178	-0.0584	-0.3034	0.2198	0.4639	0.2374	-0.0025	0.2278	0.2015	-0.4346	0.1133	-0.1218	0.0352	0.0341	0.0694
B06-7	1293	-0.2100	-0.1421	0.3436	-0.1420	-0.0294	0.3278	0.2599	-0.3880	-0.6071	-0.1932	-0.1735	0.0431	0.0967	0.1447	0.0551	0.0003
B06-8	1163	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
B06-9	1065	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
B06-10	963	-0.2855	0.7864	-0.3769	0.2102	-0.0857	-0.2310	-0.0110	0.1495	0.1569	-0.0077	-0.0086	-0.0031	-0.0425	-0.0613	-0.0019	0.0160
B06-15	613	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058

CUADRO A1. Continuación.

Banda		Componente Principal															
Peso molecular (pb)		CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16
B06-16	515	-0.7485	0.1124	0.2352	0.1842	0.0526	0.2790	0.1846	0.1834	0.1896	-0.3249	0.1107	-0.1191	-0.0887	-0.1145	0.0105	-0.0220
B06-17	490	-0.2922	0.0987	-0.1729	-0.0643	0.5470	-0.4608	-0.0437	0.0756	0.1532	-0.2564	0.0151	0.0851	0.1212	-0.0117	-0.4012	0.2815
B06-18	390	0.2101	0.1205	-0.2490	-0.1302	-0.0979	-0.1958	-0.3087	-0.0322	0.4567	0.1520	0.6429	0.1482	-0.1605	-0.0569	0.1484	-0.0109
B06-19	330	-0.2425	0.5791	-0.3400	0.2043	-0.1836	0.0165	0.1274	-0.0830	-0.2532	-0.0864	-0.1002	0.1529	0.3836	-0.3326	0.1640	-0.0417
B06-21	200	-0.4600	0.0768	-0.1408	-0.5844	0.1489	0.1998	0.2533	-0.3382	0.1373	0.3565	-0.0507	0.0260	-0.1150	0.0357	0.1013	0.0810
B09-1	2750	0.1008	0.0628	0.1021	0.2707	-0.5173	0.4592	-0.0737	0.1105	-0.1553	-0.1371	0.4940	-0.0068	0.1857	0.1843	0.2130	-0.0726
B09-2	2300	-0.6224	0.2263	-0.0577	0.2562	-0.2026	0.4735	-0.0542	-0.3006	0.0277	-0.0951	0.2603	-0.1186	-0.1150	-0.1180	0.1190	0.0316
B09-4	1930	-0.3588	0.7204	-0.1849	-0.0462	-0.1927	-0.0160	0.0428	-0.3054	-0.1697	-0.1066	0.2873	0.1573	-0.0572	0.0560	0.1719	0.0080
B09-5	1650	0.1784	0.1066	-0.3391	-0.1352	-0.6712	0.0543	0.2710	-0.3782	-0.0491	0.0273	0.1930	0.3110	-0.0629	0.0490	0.0997	0.0133
B09-6	1618	-0.6684	0.2185	-0.0598	0.4129	-0.1273	0.4516	0.0229	-0.0982	0.0194	-0.1036	-0.0740	-0.2379	-0.0578	-0.1516	-0.0028	0.0390
B09-7	1488	-0.6419	0.2055	0.1122	0.4296	-0.2396	0.3916	-0.0486	0.0259	-0.0201	0.0346	-0.0555	-0.2757	0.2053	0.0961	0.0512	-0.0035
B09-8	1163	-0.7401	0.3179	-0.2901	0.2236	-0.0549	0.0411	-0.0369	-0.3220	-0.0915	0.1538	-0.2162	-0.1462	0.0151	-0.0418	-0.0057	0.0717
B09-9	1000	-0.4089	-0.2356	-0.5126	0.3470	-0.2214	0.1523	-0.1602	-0.3317	-0.1891	0.2772	-0.1734	-0.1716	0.0529	-0.0678	-0.0173	0.0803
B09-11	850	-0.7401	0.3179	-0.2901	0.2236	-0.0549	0.0411	-0.0369	-0.3220	-0.0915	0.1538	-0.2162	-0.1462	0.0151	-0.0418	-0.0057	0.0717
B09-13	575	-0.7277	0.2528	-0.1893	0.3491	-0.0588	0.3445	-0.1320	-0.1693	0.0163	-0.0079	-0.2591	0.0729	-0.0532	-0.0076	0.0516	0.0490
B09-14	500	-0.7277	0.2528	-0.1893	0.3491	-0.0588	0.3445	-0.1320	-0.1693	0.0163	-0.0079	-0.2591	0.0729	-0.0532	-0.0076	0.0516	0.0490
B09-15	350	-0.6276	0.1840	-0.1586	0.2123	-0.2903	0.3104	0.1349	-0.2353	0.1859	0.0330	-0.4156	0.1737	-0.0781	-0.0039	-0.0127	0.0552
B10-1	1585	-0.4164	0.0089	0.5602	0.3236	0.1778	-0.4332	0.2260	0.0786	-0.2541	0.0007	0.1466	-0.1236	0.0934	-0.0244	-0.1246	-0.0722
B10-2	1488	-0.0811	0.3060	0.6877	0.3019	0.1758	-0.3640	0.2053	0.0686	-0.2674	-0.0167	0.1065	-0.1200	0.0780	-0.0178	-0.1255	-0.0760
B10-3	1325	-0.5778	0.1487	0.0094	0.0410	0.3228	-0.2368	0.2183	-0.4278	0.1076	-0.1151	0.3813	0.1921	-0.0138	0.1679	0.1110	-0.0601
B10-4	1293	-0.3743	-0.0569	0.5727	0.3058	0.3395	-0.0456	0.2166	0.3314	-0.2339	-0.0942	0.1045	0.0924	0.0835	0.0336	-0.0554	0.2584
B10-5	1228	0.3356	-0.0588	0.5636	-0.1756	0.1344	0.1933	0.4076	0.1488	-0.1755	0.0702	0.2103	0.3608	0.1646	-0.1473	0.1412	-0.1138
B10-6	1163	-0.2789	-0.1160	0.6471	0.0282	0.0305	-0.0444	0.4340	0.0582	-0.0595	-0.0501	0.3008	0.3380	-0.0019	0.0745	0.0057	0.2797
B10-7	1000	-0.4412	-0.0585	0.6645	0.5275	0.2066	0.0128	-0.0376	-0.0391	-0.0966	0.0746	-0.0547	-0.0672	0.0168	-0.0415	-0.1001	-0.0423
B10-8	963	-0.2500	-0.2852	0.5941	0.5404	0.1719	0.0651	-0.0680	-0.0363	-0.1058	0.1154	-0.0296	0.0148	0.2548	-0.2717	-0.0171	-0.0824
B10-9	925	-0.0460	-0.2783	0.6047	-0.3660	0.4363	-0.0785	-0.0518	0.0323	0.4534	0.0559	0.0512	-0.0426	-0.0764	-0.0053	-0.0346	-0.0204
B10-10	850	0.1046	-0.1620	0.6050	0.2264	-0.1541	-0.0143	-0.3432	0.3908	-0.2919	0.0700	-0.1106	0.3820	-0.0125	0.0316	0.0029	-0.0404
B10-12	800	0.3391	0.0027	-0.1513	0.2114	-0.3653	0.0720	0.5693	-0.4171	-0.0164	-0.1444	0.3951	0.0003	0.0014	0.0113	-0.0039	-0.0581
B10-13	680	-0.5541	-0.5283	-0.0530	0.2418	-0.0028	0.3378	-0.1071	0.2213	0.1684	-0.2025	-0.0141	0.3067	-0.0747	0.0374	0.0832	-0.0244

CUADRO A1. Continuación.

Banda	Peso molecular (pb)	Componente Principal															
		CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16
B10-14	650	-0.7138	-0.6211	-0.2500	0.0552	0.0094	-0.1576	0.0500	0.0232	0.0203	0.0366	0.0882	-0.0112	0.0350	-0.0145	-0.0018	0.0058
B10-15	643	-0.2774	0.4171	0.6104	0.0016	-0.0063	-0.4198	-0.1208	0.1748	-0.3136	0.1491	-0.1186	0.1304	0.0302	0.0104	-0.0482	-0.0128
B10-16	613	0.3673	0.5228	0.1066	-0.0163	0.0093	-0.1619	0.3213	-0.0958	-0.1629	0.6007	0.1772	-0.1111	-0.0492	-0.0711	-0.0514	0.0114
B10-17	* 538	-0.1869	-0.3070	0.6925	-0.3710	0.2971	0.1821	0.1520	-0.2597	-0.1122	-0.1003	-0.0893	0.0004	0.0148	0.1018	0.0150	-0.0147
B10-18	500	-0.1228	0.3429	0.5805	0.2347	0.2533	-0.4955	0.0559	0.0026	-0.2790	0.0815	-0.0732	0.1943	0.0868	0.1302	-0.0748	-0.0695
B10-19	450	0.0986	-0.2352	-0.7731	-0.4942	-0.1993	-0.0870	0.0606	0.0494	0.1048	-0.0563	0.0955	0.0610	-0.0001	0.0341	0.0978	0.0445
B10-20	330	-0.4412	-0.0585	0.6645	0.5275	0.2066	0.0128	-0.0376	-0.0391	-0.0966	0.0746	-0.0547	-0.0672	0.0168	-0.0415	-0.1001	-0.0423
B10-22	295	-0.6112	0.2392	-0.0176	0.1854	-0.0970	-0.3831	0.0093	0.0339	-0.4713	-0.0101	-0.1131	0.1828	-0.1904	-0.2510	-0.0862	0.0445

CUADRO A2. Coeficientes de correlación entre 40 variables morfológicas evaluadas en 15 genotipos de guayabo (*Psidium guajava* L.).

Variable	AICH	AIGR	AFICH	AFIGR	LPCH	LPGR	NCH	NGR	A3NCH	A3NGR	A5NCH	A5NGR	AFCH	AFGR	PECH	PEGR	LEMACH	LEMAGR	AEMACH	AEMAGR	LEMECH
AICH	1.000	0.246**	0.077	0.136	0.232*	0.190*	-0.082	0.133	0.208*	-0.179	0.105	-0.065	0.227*	0.183*	0.175	0.113	0.216*	0.159	0.011	0.068	0.096
AIGR		1.000	0.212*	0.461**	0.076	0.236**	-0.147	0.011	0.064	-0.127	0.077	-0.163	0.337**	0.446**	0.259**	0.354**	0.288**	0.405**	-0.124	-0.057	0.199*
AFICH			1.000	0.266**	0.349**	0.215*	-0.107	0.125	0.044	0.053	0.161	-0.057	0.312**	0.237**	0.352**	0.149	0.354**	0.204*	-0.085	-0.074	0.293**
AFIGR				1.000	0.017	0.339**	-0.121	0.326**	0.051	-0.053	0.155	-0.210*	0.342**	0.761**	0.326**	0.615**	0.353**	0.605**	-0.550	-0.017	0.258**
LPCH					1.000	0.370**	-0.009	0.134	-0.017	-0.089	0.081	-0.121	0.113	-0.004	0.101	0.041	0.144	0.104	-0.015	-0.031	-0.030
LPGR						1.000	-0.039	0.057	0.076	-0.198*	0.103	-0.080	0.281**	0.310**	0.207*	0.341**	0.226*	0.312**	-0.195*	0.113	0.182*
NCH							1.000	0.303**	-0.101	-0.028	-0.071	-0.064	-0.106	-0.140	-0.062	-0.036	-0.024	-0.015	-0.046	0.136	-0.112
NGR								1.000	-0.020	-0.015	-0.035	-0.185*	0.005	0.278**	0.134	0.336**	0.193*	0.363**	0.050	0.216*	-0.075
A3NCH									1.000	0.265**	0.625**	0.260**	0.003	0.017	-0.009	0.065	-0.036	-0.064	-0.066	0.213*	0.070
A3NGR										1.000	0.278**	0.651**	-0.052	-0.063	-0.088	-0.103	-0.178	-0.18667	0.011	0.080	0.068
A5NCH											1.000	0.271**	0.076	0.109	0.059	0.127	0.005	0.043	0.015	0.110	0.080
A5NGR												1.000	-0.021	-0.198*	-0.069	-0.257**	-0.178	-0.307**	0.056	0.105	
AFCH													1.000	0.317**	0.902**	0.237**	0.863**	0.275**	-0.137	-0.045	0.861**
AFGR														1.000	0.352**	0.845**	0.381**	0.855**	0.007	-0.030	0.249**
PECH															1.000	0.306**	0.952**	-0.137	0.004	0.804**	
PEGR																1.000	0.346**	0.894**	0.028	0.155	
LEMACH																	1.000	0.421**	-0.120	-0.018	0.675**
LEMAGR																		1.000	-0.006	0.021	0.132
AEMACH																			1.000	-0.040	-0.162
AEMAGR																				1.000	0.016
LEMECH																					1.000

Ver claves de variables en la continuación.

CUADRO A2. Continuación.

Variable	LEMAGR	AEMECH	AEMEGR	ELOCH	ELOGR	REDCH	REDGR	DIFECH	DIFGR	COMCH	COMGR	FORCH	FORGR	CUSTCH	CUSTGR	FBACH	FBAGR	FAPCH	FAPGR
AICH	0.183*	0.100	-0.077	0.124	-0.046	-0.008	0.109	0.193*	0.192*	-0.076	0.022	-0.006	0.003	0.204*	0.098	-0.054	0.058	-0.081	-0.048
AIGR	0.426**	0.145	-0.043	0.082	-0.041	0.069	0.139	0.304**	0.482**	-0.041	0.063	0.071	0.171	0.165	-0.079	-0.095	0.222*	-0.045	0.001
AFICH	0.218*	0.000	0.025	0.079	-0.018	-0.074	0.101	0.337**	0.235**	-0.075	0.027	0.027	-0.020	-0.151	-0.049	0.252**	0.007	0.128	0.153
AFIGR	0.696**	-0.009	-0.156	0.106	-0.134	0.083	0.165	0.344**	0.755**	-0.013	0.213*	-0.018	0.093	0.091	-0.263**	0.048	0.270**	0.233**	0.167
LPCH	-0.036	0.057	0.001	0.227*	0.121	-0.237**	-0.055	0.055	0.034	-0.216**	-0.172	0.044	-0.072	0.059	0.013	0.073	-0.053	-0.136	-0.029
LPGR	0.279**	0.107	-0.226*	0.042	0.018	0.037	-0.098	0.241**	0.324**	-0.028	-0.041	-0.008	-0.055	-0.007	0.028	0.088	0.018	-0.141	-0.010
NCH	-0.224*	0.125	-0.021	0.137	0.209*	-0.080	-0.136	-0.087	-0.105	-0.116	-0.152	0.093	-0.034	0.129	0.092	-0.099	-0.183*	-0.096	-0.176*
NGR	0.177	0.003	-0.202*	0.396**	0.243**	-0.251**	-0.180*	0.032	0.250**	-0.273**	-0.186*	0.170	0.075	0.048	0.127	-0.023	-0.095	0.069	-0.147
A3NCH	0.096	-0.035	-0.284**	-0.148	-0.159	0.149	-0.074	0.011	0.011	0.183*	0.169	-0.223*	-0.082	-0.299**	-0.149	0.322**	0.173	0.116	0.175
A3NGR	0.044	-0.036	-0.063	-0.278**	-0.213*	0.103	0.102	-0.042	-0.074	0.285**	0.257**	-0.122	-0.089	-0.175	-0.203*	0.153	0.180*	0.165	0.222*
A5NCH	0.169	-0.097	-0.277**	-0.090	-0.140	-0.040	-0.056	0.057	0.109	0.115	0.121	0.016	-0.203*	-0.144	-0.229*	0.178	0.139	0.049	0.276**
A5NGR	-0.102	-0.155	-0.140	-0.348**	-0.204*	0.135	0.101	-0.032	-0.221*	0.336**	0.180*	-0.185*	-0.131	-0.185*	-0.084	0.146	0.002	0.127	0.208*
AFCH	0.327**	0.068	-0.046	-0.076	-0.071	0.010	0.114	0.969**	0.322**	0.088	0.048	-0.018	0.066	0.109	0.122	0.006	0.036	0.043	0.063
AFGR	0.895**	-0.047	-0.124	0.157	-0.102	-0.009	0.148	0.343**	0.960**	-0.075	0.171	-0.003	0.152	0.103	-0.220*	0.048	0.202*	0.236**	0.168
PECH	0.296**	0.075	-0.065	0.084	0.035	-0.242**	-0.010	0.942**	0.334**	-0.047	-0.055	-0.003	-0.003	0.058	0.211*	0.073	-0.045	0.053	0.095
PEGR	0.670**	-0.032	-0.197*	0.230*	0.182*	-0.101	-0.365**	0.266**	0.823**	-0.148	-0.130	-0.021	0.131	0.070	-0.190*	0.067	0.168	0.180*	0.080
LEMACH	0.290**	0.089	-0.016	0.311**	0.117	-0.257**	-0.017	0.892**	0.376**	-0.283**	-0.137	0.052	0.024	0.117	0.171	0.013	-0.034	0.047	0.014
LEMAGR	0.597**	0.019	-0.134	0.340**	0.380**	-0.178	-0.163	0.290**	0.827**	-0.274**	-0.313**	0.036	0.165	0.175	-0.167	0.044	0.131	0.191*	0.018
AEMACH	0.002	-0.791**	-0.114	0.094	-0.009	-0.043	-0.072	-0.126	0.014	-0.063	-0.018	0.031	-0.198*	0.084	-0.136	-0.051	0.103	0.056	0.094
AEMAGR	-0.076	-0.057	-0.710**	-0.031	0.142	-0.009	-0.245**	-0.014	-0.038	0.056	-0.148	0.021	-0.035	-0.139	0.027	0.062	-0.028	0.037	-0.040

AICH: Angulo de inserción hoja chica; AIGR: Angulo de inserción hoja grande; AFICH: Área foliar integrador hoja chica; AFIGR: Área foliar integrador hoja grande; LPCH: Longitud del peciolo hoja chica; LPGR: Longitud del peciolo hoja grande; NCH: Número de nervaduras hoja chica; NGR: Número de nervaduras hoja grande; A3NCH: Angulo de la tercera nervadura hoja chica; A3NGR: Angulo de la tercera nervadura hoja grande; A5NCH: Angulo de la quinta nervadura hoja chica; A5NGR: Angulo de la quinta nervadura hoja grande; AFCH: Área foliar image Tool hoja chica; AFGR: Área foliar image Tool hoja grande; PECH: Perímetro hoja chica; PEGR: Perímetro hoja grande; LEMACH: Longitud del eje mayor hoja chica; LEMAGR: Longitud del eje mayor hoja grande; AEMACH: Angulo del eje mayor hoja chica; AEMAGR: Angulo del eje mayor hoja grande. Diferencia significativa con $\alpha \leq 0.05^*$ y $\alpha \leq 0.01^{**}$.

CUADRO A2. Continuación.

Variable	LEMEGR	AEMEGR	ELOCH	ELOGR	REDCH	REDGR	DIFECH	DIFEGR	COMCH	COMGR	FORCH	FORGR	CUSTCH	CUSTGR	FBACH	FBAGR	FAPCH	FAPGR
LEMECH	0.310**	0.003	-0.122	-0.462**	-0.179	0.254**	0.120	0.894**	0.217*	0.473**	0.184*	0.059	-0.031	0.102	0.125	-0.013	0.071	0.071
LEMEGR	1.000	-0.050	-0.097	-0.494**	0.122	0.359**	0.334**	0.866**	0.096	0.532**	-0.020	0.102	0.028	-0.248**	0.014	0.230*	0.196**	0.196**
AEMECH	1.000	0.301**	0.072	0.059	-0.089	0.045	0.051	-0.019	-0.079	-0.041	0.053	0.070	-0.040	0.148	0.037	-0.055	-0.106	-0.106
AEMEGR	1.000	1.000	0.109	-0.067	-0.120	0.199*	-0.075	-0.138	-0.190*	0.076	0.076	0.030	0.155	0.155	-0.072	-0.111	-0.101	-0.101
ELOCH	1.000	0.353**	1.000	0.646**	-0.162	-0.098	0.191*	-0.961**	-0.380**	0.264**	0.264**	-0.045	0.162	0.033	-0.134	-0.012	-0.003	-0.003
ELOGR	1.000	1.000	0.353**	1.000	-0.278**	-0.578**	-0.056	-0.123	-0.361**	-0.956**	0.052	0.035	0.162	0.063	0.012	-0.099	-0.046	-0.046
REDCH	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	0.220*	0.020	-0.013	0.650**	0.336**	-0.194*	0.135	-0.085	-0.271**	0.056	0.158	0.074	0.074
REDGR	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	0.075	0.170	0.150	0.627**	0.026	0.026	0.042	-0.088	-0.036	0.091	0.089	0.089
DIFECH	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	0.334**	0.126	0.043	-0.043	0.042	0.069	0.131	0.054	0.007	0.053	0.053	0.053
DIFEGR	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	1.000	-0.110	0.200	-0.004	0.149	0.103	-0.241**	0.058	0.224*	0.213*	0.213*	0.213*
COMCH	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	0.396**	-0.266**	0.024	-0.188*	-0.054	0.169	0.049	0.063	0.063	0.063	0.063	0.063
COMGR	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	1.000	-0.080	-0.008	-0.167	-0.107	0.043	0.152	0.066	0.066	0.066	0.066	0.066
FORCH	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	0.308**	0.110	-0.303**	-0.118	-0.236**	-0.118	-0.236**	-0.118	-0.236**	-0.118	-0.236**	-0.236**
FORGR	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	0.177	0.164	-0.142	-0.119	-0.021	-0.021	-0.021	-0.021	-0.021	-0.021	-0.021	-0.021
CUSTCH	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	0.099	-0.695**	-0.120	-0.195*	-0.195*	-0.195*	-0.195*	-0.195*	-0.195*	-0.195*	-0.195*	-0.195*
CUSTGR	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	1.000	-0.133	-0.502**	-0.033	-0.033	-0.033	-0.033	-0.033	-0.033	-0.033	-0.033	-0.033
FBACH	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	1.000	0.207*	0.205*	0.205*	0.205*	0.205*	0.205*	0.205*	0.205*	0.205*	0.205*	0.205*
FBAGR	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
FAPCH	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
FAPGR	1.000	1.000	0.220*	1.000	0.220*	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000

LEMECH: Longitud del eje menor hoja chica; LEMEGR: Longitud del eje menor hoja grande; AEMECH: Ángulo del eje menor hoja chica; AEMEGR: Ángulo del eje menor hoja grande; ELOCH: Elongación hoja chica; ELOGR: Elongación hoja grande; REDCH: Índice de redondez hoja chica; REDGR: Índice de redondez hoja grande; DIFECH: Índice de redondez hoja chica; DIFEGR: Índice de redondez hoja grande; COMCH: Índice de compactación hoja chica; COMGR: Índice de compactación hoja grande; FORCH: Forma de la hoja chica; FORGR: Forma de la hoja grande; CUSTCH: Curvatura de la sección transversal hoja chica; CUSTGR: Curvatura de la sección transversal hoja grande; FBACH: Forma de la base hoja chica; FBAGR: Forma de la base hoja grande; FAPCH: Forma del ápice hoja chica; FAPGR: Forma del ápice hoja grande. Diferencia significativa con $\alpha \leq 0.05^*$ y $\alpha \leq 0.01^{**}$.